

⑯ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑯ ⑯ Offenlegungsschrift  
DE 198 18 619 A 1

⑯ Aktenzeichen: 198 18 619.3  
⑯ Anmeldetag: 21. 4. 98  
⑯ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑯ Int. Cl. 6:  
**C 07 K 16/00**  
C 07 K 14/435  
A 61 K 38/17  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/11  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
//(C12N 1/21,C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 18 619 A 1

⑯ Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

⑯ Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑯ Erfinder:

Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;  
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,  
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,  
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532  
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,  
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑯ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Tumor

⑯ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -  
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasentu-  
morgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodie-  
ren, und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen  
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 619 A 1

## Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasentumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

5 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasentumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bis-her verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

10 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

15 Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) 20 sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster 25 von normalem und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden 30 können.

35 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

40 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-50 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasentumor eine Rolle spielen.

45 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 37.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

45 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.  
 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
 oder  
 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

50 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

55 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, die im Blasentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

55 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-50 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

60 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-50 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

65 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pnH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRTS (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG,

pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda Pr, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 5

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente. 10

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetische Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 15

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren. 20

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 51-106.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 51-106 aufweisen. 25

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 50 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 51-106 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist. 30

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-50 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 51-106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. 35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 51-106 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-50, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 40

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-50 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genetischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genetischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 50

#### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen-cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus) 60

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

#### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

55

65

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.  
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung  
5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung  
Fig. 3 zeigt die *in silico* Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben  
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.  
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern  
10 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.  
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebe ESTs.  
30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde 35 das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

45 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen 50 Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines 55 Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) 60 Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 17,7.x stärker im normalen Blasentumorgewebe als im normalem Blasengewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0690	0.0565	17.6998	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0078	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				40
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				50
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				55
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				60

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0281	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0399	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0479	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0227	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0585	0.0000 undef
15	Lunge 0.0145	0.0123	1.1854 0.8436
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
	Niere 0.0000	0.0274	0.0000 undef
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
30	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
50	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0000	0.0307	0.0000 undef	5
Brust 0.0307	0.0376	0.8166 1.2245	
Duenndarm 0.0337	0.0165	2.0391 0.4904	
Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289 3.0402	
Endokrines_Gewebe 0.0255	0.0075	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal 0.0153	0.0185	0.8283 1.2072	10
Gehirn 0.0185	0.0216	0.8571 1.1667	
Haematopoetisch 0.0201	0.0379	0.5293 1.8892	
Haut 0.0844	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0238	0.0065	3.6765 0.2720	
Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden 0.0575	0.0351	1.6399 0.6098	
Lunge 0.0145	0.0082	1.7781 0.5624	
Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0077	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett 0.0308	0.0300	1.0280 0.9728	
Niere 0.0217	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143	20
Penis 0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Prostata 0.0262	0.0213	1.2284 0.8141	
Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium 0.0152	0.0408	0.3741 2.6732	
Uterus_allgemein 0.0204	0.0954	0.2135 4.6839	25
Brust-Hyperplasie 0.0512			
Prostata-Hyperplasie 0.0268			
Samenblase 0.0089			
Sinnesorgane 0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0286			30
Zervix 0.0106			

FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung 0.0278			
Gastrointestinal 0.0305			
Gehirn 0.0063			
Haematopoetisch 0.0157			
Haut 0.0000			40
Hepatisch 0.0000			
Herz-Blutgefaesse 0.0213			
Lunge 0.0289			
Nebenniere 0.0000			
Niere 0.0185			45
Placenta 0.0121			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0126			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust 0.0204			
Eierstock_n 0.0000			
Eierstock_t 0.0051			55
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0122			
Gastrointestinal 0.0488			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut-Muskel 0.0000			60
Hoden 0.0463			
Lunge 0.0164			
Nerven 0.0100			
Prostata 0.0137			
Sinnesorgane 0.0000			65
Uterus_n 0.0125			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0256	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiserhoehe 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0230	0.0000 undef	5
Brust	0.0090	0.0094	0.9527 1.0496	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487	
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391 0.6949	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072	10
Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef	
Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0093	0.0143	0.6532 1.5310	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5060	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913 1.0088	
Pankreas	0.0149	0.0055	2.6923 0.3714	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0167			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0354			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0151			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0259			60
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0060			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0155			65
Uterus_n	0.0250			

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0204	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0056	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0156	0.3838 2.6058
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn 0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0190	0.0068	2.7756 0.3603
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0131	0.0043	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0137
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0204	0.0000 undef	5
Brust	0.0038	0.0075	0.5104 1.9593	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799 0.9260	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	15
Herz	0.0042	0.0137	0.3084 3.2426	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0052	0.0143	0.3629 2.7557	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0242			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0151			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0259			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0250			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0052	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0100	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal 0.0019	0.0370	0.0518 19.3158
	Gehirn 0.0096	0.0051	1.8719 0.5342
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz 0.0138	0.0137	1.0023 0.9977
	Hoden 0.0288	0.0468	0.6150 1.6261
	Lunge 0.0031	0.0143	0.2177 4.5929
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0751
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0087
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0540
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0201
	Prostata 0.0205
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0375

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0044	0.0144	0.3086 3.2409	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0031	0.0082	0.3810 2.6245	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0064	1.3648 0.7327	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0608			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust 0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0025	6.1132	0.1636
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221 0.3674	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0000	0.0062	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
25	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0065	0.0298	0.2193 4.5590
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0557
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0076
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0137
65	Sinnesorgane 0.0387
	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0090	0.0169	0.5293 1.8893
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0052	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0226	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0057	0.0231	0.2485 4.0241
	Gehirn 0.0052	0.0082	0.6300 1.5874
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0345	0.0117	2.9518 0.3388
	Lunge 0.0021	0.0123	0.1693 5.9051
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8567 1.1673
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0174	0.0128	1.3648 0.7327
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0146
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0137
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0395	0.1296 7.7146	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558 3.9088	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412 0.3400	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	15
Lunge	0.0073	0.0245	0.2964 3.3743	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0420	0.3263 3.0643	
Niere	0.0163	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499 20.0570	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointenstinal	0.0583			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0354			
Haut	0.5025			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0542			
Nebenniere	0.0761			
Niere	0.1235			45
Placenta	0.0727			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.1255			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0709			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0175			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.1278	0.0305	32.7774
	Brust 0.0179	0.0414	0.4331	2.3091
	Duenndarm 0.0031	0.1323	0.0232	43.1571
	Eierstock 0.0090	0.0234	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe 0.0358	0.0301	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0374	0.0491	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseröhre 0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0017	0.2209	0.0075	133.7133
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0267			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkörperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefässen 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nebenniere 0.0000	
45	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0667	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.1224	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.1013	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0268	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
60	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0246	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0205	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0125	

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 17

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0039	0.0537	0.0726 13.7665	5
Brust 0.0077	0.0207	0.3712 2.6940	
Duenndarm 0.0368	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock 0.0150	0.0078	1.9188 0.5212	
Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0100	1.0189 0.9815	
Gastrointestinal 0.0421	0.0093	4.5559 0.2195	10
Gehirn 0.0118	0.0195	0.6063 1.6494	
Haematopoetisch 0.0174	0.0379	0.4587 2.1798	
Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0048	0.0518	0.0919 10.8799	
Herz 0.0127	0.0275	0.4626 2.1618	15
Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163	
Lunge 0.0114	0.0061	1.8628 0.5368	
Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0460	0.0000 undef	
Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5700 0.3891	
Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	
Pankreas 0.0050	0.0331	0.1496 6.6857	20
Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9357	
Prostata 0.0174	0.0192	0.9099 1.0990	
Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie 0.0064			
Prostata-Hyperplasie 0.0238			
Samenblase 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0251			30
Zervix 0.0106			

FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung 0.0000			
Gastrointenstinal 0.0167			
Gehirn 0.0438			
Haematopoetisch 0.0118			
Haut 0.0000			40
Hepatisch 0.0000			
Herz-Blutgefaesse 0.0107			
Lunge 0.0181			
Nebenniere 0.0000			
Niere 0.0247			45
Placenta 0.0061			
Prostata 0.0249			
Sinnesorgane 0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust 0.0408			
Eierstock_n 0.0000			
Eierstock_t 0.0101			55
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0087			
Gastrointestinal 0.0122			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut-Muskel 0.0130			60
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0082			
Nerven 0.0010			
Prostata 0.0068			
Sinnesorgane 0.0000			65
Uterus_n 0.0000			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.2556	0.0763 13.1109
	Brust 0.0166	0.0357	0.4656 2.1477
	Duenndarm 0.0061	0.0662	0.0927 10.7893
	Eierstock 0.0389	0.0052	7.4832 0.1336
10	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0326	1.2017 0.8321
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0606	0.0122 81.9491
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0238	0.0518	0.4596 2.1760
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0600	0.0480	1.2493 0.8005
20	Niere 0.0407	0.0068	5.9478 0.1681
	Pankreas 0.0198	0.0331	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281 35.6140
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1155	0.2641 3.7870
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointenstinal 0.3332
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.2202
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6381
	Herz-Blutgefaesse 0.0285
	Lunge 0.1337
	Nebenniere 1.0903
45	Niere 0.6301
	Placenta 0.6786
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.1063
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4264
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0250

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.2301	0.0847	11.7998	5
Brust	0.0192	0.0113	1.7013	0.5878	
Duénndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.1555	0.0219	45.6387	
Gastrointestinal	0.0000	0.0370	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0214	0.1561	0.1374	7.2801	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0197	0.0020	9.6527	0.1036	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.1320	0.0260	38.5221	
Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305	
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0475	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0417				
Gastrointestinal	0.1361				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.1337				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.3380				
Herz-Blutgefaesse	0.0249				
Lunge	0.0578				
Nebenniere	0.5071				
Niere	0.2594				45
Placenta	0.4120				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0612				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrinés_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.1188				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0141				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0416				

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0039	0.0383	0.1017 9.8332
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0061	0.0496	0.1236 8.0920
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0268		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0128
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 21

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0039	0.0358	0.1090 9.1777	5
Brust 0.0077	0.0207	0.3712 2.6940	
Duenndarm 0.0215	0.0331	0.6488 1.5413	
Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838 2.6058	
Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal 0.0575	0.0046	12.4251 0.0805	10
Gehirn 0.0000	0.0072	0.0000 undef	
Haematopoetisch 0.0214	0.0000	undef 0.0000	
Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden 0.0000	0.0585	0.0000 undef	15
Lunge 0.0104	0.0225	0.4618 2.1652	
Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett 0.0257	0.0120	2.1416 0.4669	
Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas 0.0099	0.0221	0.4487 2.2286	20
Penis 0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie 0.0096			
Prostata-Hyperplasie 0.0000			
Samenblase 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			30
Zervix 0.0000			

FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung 0.0000			
Gastrointenstinal 0.0000			
Gehirn 0.0000			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut 0.0000			40
Hepatisch 0.0000			
Herz-Blutgefaesse 0.0000			
Lunge 0.0000			
Nebenniere 0.0000			
Niere 0.0000			45
Placenta 0.0000			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust 0.0136			
Eierstock_n 0.0000			
Eierstock_t 0.0051			55
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0000			
Gastrointestinal 0.0122			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut-Muskel 0.0000			60
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0164			
Nerven 0.0000			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			65
Uterus_n 0.0000			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0351	0.3144	0.1116 8.9591
	Brust 0.0281	0.0470	0.5989 1.6698
	Duenndarm 0.0092	0.0662	0.1390 7.1929
	Eierstock 0.0569	0.0208	2.7342 0.3657
10	Endokrines_Gewebe 0.0596	0.0527	1.1321 0.8833
	Gastrointestinal 0.0019	0.0139	0.1381 7.2434
	Gehirn 0.0022	0.0945	0.0235 42.5950
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0285	0.0582	0.4902 2.0400
	Herz 0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0145	0.0082	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0788	0.0540	1.4595 0.6852
20	Niere 0.0489	0.0137	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0264	0.0442	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.1066	0.0842 11.8713
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.1013	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1494	0.2551 3.9206
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0954	0.1601 6.2452
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointestinal 0.4554
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.2753
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6381
	Herz-Blutgefaesse 0.0605
	Lunge 0.1879
	Nebenniere 1.1663
45	Niere 0.8215
	Placenta 0.7816
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0612
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.1164
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4665
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0291

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0332	0.1173	8.5221	5
Brust	0.0038	0.0263	0.1458	6.8574	
Duenndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0156	0.9594	1.0423	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0075	2.2642	0.4417	
Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901	10
Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599	
Herz	0.0339	0.0137	2.4671	0.4053	15
Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130	
Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0291	0.0240	1.2136	0.8240	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0243				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				35
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0320				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0204				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0105				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0454				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0211				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.1457	0.1338 7.4732
	Brust 0.0013	0.0169	0.0756 13.2250
	Duenndarm 0.0061	0.0496	0.1236 8.0920
	Eierstock 0.0090	0.0260	0.3454 2.8954
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0125	0.9509 1.0516
	Gastrointestinal 0.1648	0.0231	7.1237 0.1404
	Gehirn 0.0030	0.0308	0.0960 10.4173
	Haematopoetisch 0.2099	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.2006	0.0000 undef
15	Herz 0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.0819	0.0000 undef
	Lunge 0.0956	0.2965	0.3223 3.1023
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.1917	0.0504 19.8329
	Muskel-Skelett 0.0959	0.0240	3.9977 0.2501
20	Niere 0.0081	0.0205	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0182	0.0497	0.3656 2.7350
	Penis 0.0030	0.1333	0.0225 44.5175
	Prostata 0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0706		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NÖRMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.2076
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0039	0.0281	0.1387 7.2110	5
Brust	0.0217	0.0132	1.6527 0.6051	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0148	0.0154	0.9599 1.0417	
Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0847	0.2599 3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0145	0.0061	2.3708 0.4218	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0360	0.2380 4.2024	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060 0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0039	0.0256	0.1525 6.5555
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0052	4.0294 0.2482
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0031	1.1999 0.8334
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0274
65	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0039	0.0256	0.1525 6.5555	5
Brust 0.0115	0.0150	0.7656 1.3062	
Duenndarm 0.0307	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock 0.0150	0.0052	2.8781 0.3474	
Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0150	0.7925 1.2619	
Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142 2.4145	10
Gehirn 0.0074	0.0092	0.8000 1.2501	
Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Haut 0.0037	0.1695	0.0217 46.1678	
Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz 0.0074	0.0137	0.5397 1.8529	15
Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge 0.0104	0.0082	1.2701 0.7873	
Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere 0.0190	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357	20
Penis 0.0150	0.0267	0.5616 1.7807	
Prostata 0.0087	0.0149	0.5849 1.7096	
Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef	
Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie 0.0064			
Prostata-Hyperplasie 0.0178			
Samenblase 0.0178			
Sinnesorgane 0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			30
Zervix 0.0000			
FOETUS			
%Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0000			35
Gastrointenstinal 0.0111			
Gehirn 0.0125			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut 0.0000			40
Hepatisch 0.0260			
Herz-Blutgefaesse 0.0071			
Lunge 0.0217			
Nebenniere 0.0254			
Niere 0.0062			45
Placenta 0.0061			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
%Haeufigkeit			
Brust 0.0136			
Eierstock_n 0.0000			
Eierstock_t 0.0101			55
Endokrines_Gewebe 0.0245			
Foetal 0.0181			
Gastrointestinal 0.0244			
Haematopoetisch 0.0114			
Haut-Muskel 0.0065			60
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0164			
Nerven 0.0090			
Prostata 0.0068			
Sinnesorgane 0.0232			65
Uterus_n 0.0000			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0312	0.1968	0.1585 6.3096
	Brust 0.0281	0.0526	0.5347 1.8702
	Duenndarm 0.2177	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0494	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.2778	0.0324	8.5792 0.1166
	Gehirn 0.0007	0.0133	0.0554 18.0566
	Haematopoetisch 0.1470	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0551	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.1876	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0000	0.2339	0.0000 undef
	Lunge 0.0623	0.1206	0.5166 1.9356
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.1216	0.0300	4.0548 0.2466
	Niere 0.0081	0.1027	0.0793 12.6097
25	Pankreas 0.0743	0.2209	0.3365 2.9714
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0149	0.4387 2.2795
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0384		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.1713	0.1594 6.2745	5
Brust	0.0217	0.0395	0.5509 1.8152	
Duenndarm	0.1901	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0390	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.2491	0.0278	8.9737 0.1114	10
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.1297	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.1423	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.2105	0.0000 undef	
Lunge	0.0457	0.0818	0.5588 1.7894	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0822	0.0240	3.4266 0.2918	
Niere	0.0054	0.1027	0.0529 18.9146	
Pankreas	0.0694	0.2430	0.2855 3.5020	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0068			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0858	0.4525	0.1896 5.2742
	Brust 0.1279	0.0977	1.3087 0.7641
	Duenndarm 0.4998	0.2150	2.3242 0.4302
	Eierstock 0.0180	0.1353	0.1328 7.5280
10	Endokrines_Gewebe 0.0307	0.0176	1.7466 0.5725
	Gastrointestinal 0.7434	0.1341	5.5413 0.1805
	Gehirn 0.0030	0.0524	0.0565 17.7093
	Haematopoetisch 0.6884	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0551	0.1695	0.3249 3.0779
	Hepatisch 0.0381	0.7635	0.0499 20.0598
15	Herz 0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.1403	0.0000 undef
	Lunge 0.2773	0.5418	0.5119 1.9536
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.3450	0.1961 5.0999
	Muskel-Skelett 0.3203	0.0660	4.8544 0.2060
20	Niere 0.0163	0.1780	0.0915 10.9284
	Pankreas 0.0529	0.2319	0.2279 4.3875
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0828	0.0192	4.3220 0.2314
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.1343		
	Prostata-Hyperplasie 0.0268		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0852		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.1837
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0405
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0976
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0039	0.0204	0.1907 5.2444	5
Brust	0.0077	0.0056	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0184	0.0331	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391 0.6949	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285 0.9723	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0073	0.0143	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0043	3.5827 0.2791	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.2513			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			60
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust 0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal 0.0192	0.0231	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz 0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere 0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas 0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0429	0.2173	0.1974 5.0656	5
Brust	0.0409	0.0357	1.1462 0.8725	
Duenndarm	0.1870	0.0662	2.8269 0.3537	
Eierstock	0.0030	0.0833	0.0360 27.7957	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.2740	0.0740	3.7016 0.2702	10
Gehirn	0.0007	0.0216	0.0343 29.1683	
Haematopoetisch	0.2165	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.3429	0.0277 36.0397	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698 3.7059	15
Hoden	0.0000	0.0585	0.0000 undef	
Lunge	0.1039	0.1738	0.5977 1.6731	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0920	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0994	0.0420	2.3660 0.4227	
Niere	0.0054	0.0753	0.0721 13.8707	
Pankreas	0.0231	0.1160	0.1994 5.0142	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0262	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0512			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0612			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0117	0.0588	0.1990 5.0259
	Brust 0.0102	0.0094	1.0888 0.9184
	Duenndarm 0.0153	0.0331	0.4634 2.1579
	Eierstock 0.0539	0.0130	4.1445 0.2413
10	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0075	2.4906 0.4015
	Gastrointestinal 0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn 0.0133	0.0123	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
	Hoden 0.0173	0.0234	0.7380 1.3551
	Lunge 0.0062	0.0020	3.0482 0.3281
20	Magen-Speiserhoere 0.0676	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9518 1.0506
	Niere 0.0109	0.0274	0.3965 2.5219
25	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
	Penis 0.0269	0.0533	0.5054 1.9786
	Prostata 0.0327	0.0213	1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0000	undef 0.0000
30	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit.
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0555
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0485
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.2430
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0338
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0171
60	Haut-Muskel 0.0680
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0151
	Prostata 0.0342
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.1166

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.1227	0.2225 4.4952	5
Brust	0.0243	0.0263	0.9236 1.0828	
Duenndarm	0.1625	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0364	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.2146	0.0093	23.1935 0.0431	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.1203	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0441	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.1229	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0935	0.0000 undef	
Lunge	0.0353	0.0900	0.3926 2.5473	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0120	7.1388 0.1401	
Niere	0.0081	0.0753	0.1081 9.2471	
Pankreas	0.0529	0.1381	0.3829 2.6116	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060 0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0078	0.0332	0.2347 4.2611
	Brust 0.0153	0.0169	0.9074 1.1021
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock 0.0210	0.0130	1.6118 0.6204
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0150	0.5660 1.7667
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0231	0.6627 1.5090
	Gehirn 0.0185	0.0226	0.8181 1.2223
	Haematopoetisch 0.0227	0.0379	0.5999 1.6669
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
15	Herz 0.0201	0.0137	1.4649 0.6827
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0166	0.0164	1.0161 0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0060	2.2844 0.4378
	Niere 0.0081	0.0274	0.2974 3.3626
20	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739 1.4839
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0528	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0408	0.3741 2.6732
25	Uterus_allgemein 0.0458	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0250
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.2513
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0292
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0110
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Nortern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Norterm für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0624	0.2607	0.2393 4.1791
	Brust 0.0051	0.0282	0.1815 5.5104
	Duenndarm 0.0337	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0937	0.0320 31.2702
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.1360	0.0694	1.9604 0.5101
	Gehirn 0.0015	0.0318	0.0464 21.5290
	Haematopoetisch 0.1337	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.4594	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0137	0.9252 1.0809
	Hoden 0.0000	0.1754	0.0000 undef
	Lunge 0.0540	0.2086	0.2590 3.8610
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0767	0.2521 3.9666
	Muskel-Skelett 0.1747	0.0240	7.2815 0.1373
	Niere 0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
25	Pankreas 0.0611	0.0773	0.7906 1.2649
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0196	0.0021	9.2126 0.1085
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0353		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0702	0.2761	0.2542 3.9333	5
Brust	0.0614	0.0620	0.9899 1.0102	
Duenndarm	0.2024	0.1489	1.3594 0.7356	
Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354 7.3832	
Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0025	10.1887      0.0981	
Gastrointestinal	0.4138	0.0740	5.5913 0.1788	10
Gehirn	0.0044	0.0431	0.1029 9.7228	
Haematopoetisch	0.5774	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.3364	0.0848 11.7866	
Herz	0.0095	0.0412	0.2313 4.3235	15
Hoden	0.0000	0.2689	0.0000 undef	
Lunge	0.1735	0.2678	0.6476 1.5441	
Magen-Speiserohre	0.0870	0.1917	0.4538 2.2037	
Muskel-Skelett	0.2193	0.0180	12.1835      0.0821	
Niere	0.0136	0.1164	0.1166 8.5746	
Pankreas	0.0677	0.1822	0.3717 2.6906	20
Penis	0.0030	0.1333	0.0225 44.5175	
Prostata	0.0327	0.0085	3.8386 0.2605	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0927			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.2823			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			30
Zervix	0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0157			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.4082			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.3493			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0082			
Gastrointestinal	0.1953			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0491			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.0690	0.2825 3.5400
	Brust 0.0166	0.0320	0.5204 1.9216
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0130	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0100	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0067	0.0442	0.1507 6.6362
	Haematopoetisch 0.0187	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0238	0.0194	1.2255 0.8160
	Herz 0.0625	0.1512	0.4135 2.4182
	Hoden 0.0345	0.0117	2.9518 0.3388
	Lunge 0.0322	0.0286	1.1249 0.8889
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0668	0.1260	0.5303 1.8857
	Niere 0.0190	0.0342	0.5551 1.8014
20	Pankreas 0.0050	0.1160	0.0427 23.3998
	Penis 0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0170	0.7677 1.3026
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0204	1.4964 0.6683
25	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0588		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0325
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0494
45	Placenta 0.0909
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0297
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase 0.0390	0.1355	0.2878	3.4744	5
Brust 0.0269	0.0564	0.4764	2.0992	
Duenndarm 0.1932	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock 0.0000	0.0312	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal 0.2203	0.0509	4.3300	0.2309	10
Gehirn 0.0000	0.0103	0.0000	undef	
Haematopoetisch 0.0882	0.0000	undef	0.0000	
Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch 0.0000	0.0518	0.0000	undef	
Herz 0.0095	0.0137	0.6939	1.4412	15
Hoden 0.0000	0.0702	0.0000	undef	
Lunge 0.0478	0.1472	0.3246	3.0809	
Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett 0.1011	0.0120	8.4237	0.1187	
Niere 0.0054	0.0548	0.0991	10.0878	
Pankreas 0.0099	0.0552	0.1795	5.5714	20
Penis 0.0000	0.2933	0.0000	undef	
Prostata 0.0153	0.0021	7.1654	0.1396	
Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie 0.0192				
Prostata-Hyperplasie 0.0119				
Samenblase 0.0000				
Sinnesorgane 0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen 0.0009				30
Zervix 0.0213				

FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung 0.0000				35
Gastrointenstinal 0.0000				
Gehirn 0.0000				
Haematopoetisch 0.0079				
Haut 0.0000				40
Hepatisch 0.0000				
Herz-Blutgefaesse 0.0000				
Lunge 0.0000				
Nebenniere 0.0000				
Niere 0.0000				45
Placenta 0.0000				
Prostata 0.0000				
Sinnesorgane 0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust 0.0000				
Eierstock_n 0.0000				
Eierstock_t 0.0000				
Endokrines_Gewebe 0.0000				55
Foetal 0.0000				
Gastrointestinal 0.0000				
Haematopoetisch 0.0000				
Haut-Muskel 0.0000				60
Hoden 0.0000				
Lunge 0.0000				
Nerven 0.0000				
Prostata 0.0000				
Sinnesorgane 0.0000				
Uterus_n 0.0000				65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Nortnern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0895	0.3051 3.2777
	Brust 0.0665	0.0808	0.8230 1.2151
	Duenndarm 0.0429	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0539	0.0234	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0630	0.0978	0.6444 1.5518
	Gastrointestinal 0.0441	0.0324	1.3608 0.7348
	Gehirn 0.0554	0.1006	0.5510 1.8149
	Haematopoetisch 0.0454	0.0379	1.1998 0.8335
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0381	0.0453	0.8403 1.1900
	Herz 0.0435	0.0825	0.5268 1.8981
	Hoden 0.0575	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.1008	0.0552	1.8252 0.5479
20	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0997	0.5818 1.7188
	Muskel-Skelett 0.0976	0.0660	1.4797 0.6758
	Niere 0.0516	0.0890	0.5795 1.7255
	Pankreas 0.0248	0.0773	0.3205 3.1200
	Penis 0.0599	0.1066	0.5616 1.7807
25	Prostata 0.0567	0.0766	0.7393 1.3527
	Uterus_Endometrium 0.0405	0.1055	0.3841 2.6035
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0475	1.1223 0.8911
30	Uterus_allgemein 0.0866	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0416		
	Prostata-Hyperplasie 0.0654		
	Samenblase 0.0712		
	Sinnesorgane 0.0823		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.1110		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0361
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0433
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0432
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.1020
	Eierstock_n 0.1595
55	Eierstock_t 0.0709
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0635
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0680
	Hoden 0.0463
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0351
	Prostata 0.0342
65	Sinnesorgane 0.0464
	Uterus_n 0.0083

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0639	0.3051 3.2777	5
Brust	0.0345	0.0470	0.7350 1.3606	
Duenndarm	0.0399	0.1985	0.2008 4.9797	
Eierstock	0.0150	0.0676	0.2214 4.5168	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0878	0.2717 3.6805	
Gastrointestinal	0.0862	0.1064	0.8103 1.2341	10
Gehirn	0.0067	0.0277	0.2400 4.1669	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0587	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882 1.7000	
Herz	0.0011	0.0962	0.0110 90.7941	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0062	0.0164	0.3810 2.6245	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.3450	0.1120 8.9248	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000 undef	
Niere	0.0760	0.1643	0.4626 2.1617	20
Pankreas	0.0677	0.0276	2.4530 0.4077	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685 5.9357	
Prostata	0.0109	0.0255	0.4265 2.3446	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806 3.5642	
Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000 undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0576			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.1068			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0813			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0145			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0309			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0122			
Gastrointestinal	0.4149			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0573			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0511	0.3051 3.2777
	Brust 0.0166	0.0320	0.5204 1.9216
	Duenndarm 0.0828	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0416	0.0720 13.8979
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.1226	0.0278	4.4178 0.2264
	Gehirn 0.0000	0.0123	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0481	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0294	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.1294	0.0000 undef
	Herz 0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.1403	0.0000 undef
	Lunge 0.0447	0.1390	0.3213 3.1128
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0497	0.0060	8.2810 0.1208
	Niere 0.0054	0.0685	0.0793 12.6097
	Pankreas 0.0215	0.0166	1.2963 0.7714
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0043	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase 0.0117	0.0383	0.3051	3.2777	5
Brust 0.0179	0.0207	0.8661	1.1546	
Duenndarm 0.0245	0.0165	1.4830	0.6743	
Eierstock 0.0329	0.0156	2.1106	0.4738	
Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0326	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal 0.0153	0.0139	1.1045	0.9054	10
Gehirn 0.0296	0.0288	1.0285	0.9723	
Haematopoetisch 0.0187	0.0379	0.4940	2.0241	
Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz 0.0201	0.0550	0.3662	2.7306	
Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge 0.0218	0.0225	0.9699	1.0311	
Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0383	1.0084	0.9916	
Muskel-Skelett 0.0171	0.0240	0.7139	1.4008	
Niere 0.0190	0.0068	2.7756	0.3603	
Pankreas 0.0116	0.0221	0.5235	1.9102	20
Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata 0.0327	0.0319	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef	
Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie 0.0032				
Prostata-Hyperplasie 0.0208				
Samenblase 0.0178				
Sinnesorgane 0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen 0.0260				30
Zervix 0.0000				
FOETUS				
%Haeufigkeit				35
Entwicklung 0.0000				
Gastrointestinal 0.0139				
Gehirn 0.0313				
Haematopoetisch 0.0039				
Haut 0.0000				40
Hepatisch 0.0000				
Herz-Blutgefaesse 0.0071				
Lunge 0.0217				
Nebenniere 0.0000				
Niere 0.0000				45
Placenta 0.0424				
Prostata 0.0249				
Sinnesorgane 0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
%Haeufigkeit				
Brust 0.0408				
Eierstock_n 0.0000				
Eierstock_t 0.0405				55
Endokrines_Gewebe 0.0245				
Foetal 0.0087				
Gastrointestinal 0.0000				
Haematopoetisch 0.0057				
Haut-Muskel 0.0097				60
Hoden 0.0231				
Lunge 0.0082				
Nerven 0.0251				
Prostata 0.0205				
Sinnesorgane 0.0000				65
Uterus_n 0.0125				

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.1170	0.3067	0.3814 2.6222
	Brust 0.3019	0.2387	1.2646 0.7908
	Duenndarm 1.1559	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0676	0.1771 5.6460
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0125	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 1.2798	0.1804	7.0940 0.1410
	Gehirn 0.0007	0.0380	0.0195 51.3918
	Haematopoetisch 0.4785	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.1322	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0285	0.4594	0.0621 16.0932
	Herz 0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
	Hoden 0.0000	0.2456	0.0000 undef
	Lunge 0.3625	0.3435	1.0554 0.9475
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.1533	0.3151 3.1733
	Muskel-Skelett 0.2124	0.0480	4.4260 0.2259
20	Niere 0.0163	0.1917	0.0850 11.7691
	Pankreas 0.1074	0.4528	0.2371 4.2171
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata 0.0806	0.0255	3.1562 0.3168
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.3805		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.5175		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit.
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.7687
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.1924
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0976
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0486	0.4014 2.4911	5
Brust	0.0550	0.1297	0.4241 2.3580	
Duenndarm	0.0123	0.1654	0.0741 13.4866	
Eierstock	0.0449	0.0728	0.6167 1.6214	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.1018	0.1506 6.6398	10
Gehirn	0.0037	0.0359	0.1029 9.7228	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0404	0.0847	0.4765 2.0985	
Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824 1.1333	
Herz	0.0233	0.0825	0.2827 3.5374	15
Hoden	0.0460	0.0351	1.3119 0.7622	
Lunge	0.0551	0.0491	1.1219 0.8913	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0613	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.1148	0.3120	0.3679 2.7180	
Niere	0.0271	0.0137	1.9826 0.5044	
Pankreas	0.0116	0.0884	0.1309 7.6408	20
Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9678	
Prostata	0.0087	0.0319	0.2730 3.6634	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.1902	0.3206 3.1187	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.1809			35
Gastrointestinal	0.1388			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0551			
Haut	0.2513			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0605			
Lunge	0.1409			
Nebenniere	0.2535			
Niere	0.1235			45
Placenta	0.0364			
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	1.3934			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0304			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0315			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			60
Haut-Muskel	0.0518			
Hoden	0.0231			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0624	0.1380	0.4520 2.2125
	Brust 0.0345	0.0564	0.6125 1.6327
	Duenndarm 0.0491	0.0165	2.9659 0.3372
	Eierstock 0.0689	0.0520	1.3239 0.7553
10	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0276	1.4202 0.7041
	Gastrointestinal 0.0460	0.0648	0.7100 1.4084
	Gehirn 0.0333	0.0678	0.4909 2.0372
	Haematopoetisch 0.0374	0.0758	0.4940 2.0241
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch 0.1142	0.0518	2.2059 0.4533
	Herz 0.0774	0.7010	0.1104 9.0616
	Hoden 0.2589	0.1520	1.7030 0.5872
	Lunge 0.0540	0.0491	1.1007 0.9085
20	Magen-Speiserohre 0.1256	0.2070	0.6069 1.6477
	Muskel-Skelett 0.1542	0.2100	0.7343 1.3619
	Niere 0.0109	0.0959	0.1133 8.8268
	Pankreas 0.0198	0.1270	0.1561 6.4071
	Penis 0.0359	0.0800	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0785	0.0511	1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0528	0.6402 1.5621
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0679	0.6734 1.4851
	Uterus_allgemein 0.0764	0.0954	0.8006 1.2490
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0624		
	Samenblase 0.0445		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0529		
	Zervix 0.0532		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0249
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.3333
	Prostata 0.1995
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.1156
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.1873
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0181
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0486
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0274
65	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0541

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0585	0.1278	0.4576 2.1852	5
Brust	0.0742	0.0507	1.4619 0.6841	
Duenndarm	0.1134	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0659	0.0390	1.6885 0.5922	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437 0.5424	
Gastrointestinal	0.0690	0.0694	0.9940 1.0060	10
Gehirn	0.0325	0.0893	0.3641 2.7464	
Haematopoetisch	0.0842	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0404	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.1855	0.0647	2.8677 0.3487	
Herz	0.0435	0.0962	0.4516 2.2145	15
Hoden	0.0230	0.0585	0.3936 2.5408	
Lunge	0.2275	0.1063	2.1396 0.4674	
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.1993	0.2424 4.1252	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0720	1.1898 0.8405	
Niere	0.0706	0.0274	2.5774 0.3880	
Pankreas	0.0347	0.2927	0.1185 8.4367	20
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678	
Prostata	0.0458	0.0319	1.4331 0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0204	2.9927 0.3341	
Uterus_allgemein	0.0917	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0416			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.1647			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2497			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0916			
Gehirn	0.0500			
Haematopoetisch	0.0865			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefaesse	0.0178			
Lunge	0.0434			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0432			45
Placenta	0.1636			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.1156			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0354			55
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0571			
Gastrointestinal	0.0854			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0097			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0491			
Nerven	0.0562			
Prostata	0.0615			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.1957			

## DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0546	0.1099	0.4967 2.0135
	Brust 0.0563	0.0489	1.1517 0.8683
	Duenndarm 0.1380	0.0331	4.1708 0.2398
	Eierstock 0.0599	0.0650	0.9210 1.0858
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0351	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.1322	0.1804	0.7328 1.3647
	Gehirn 0.0229	0.0452	0.5072 1.9714
	Haematopoetisch 0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.1689	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0285	0.0518	0.5515 1.8133
	Herz 0.1166	0.1649	0.7067 1.4150
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.1070	0.1329	0.8050 1.2422
20	Magen-Speiseroehre 0.1450	0.0613	2.3635 0.4231
	Muskel-Skelett 0.0685	0.0240	2.8555 0.3502
	Niere 0.0570	0.0753	0.7570 1.3210
25	Pankreas 0.0165	0.1491	0.1108 9.0256
	Penis 0.0779	0.0267	2.9202 0.3424
	Prostata 0.0610	0.0255	2.3885 0.4187
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0991	0.0340	2.9179 0.3427
30	Uterus_allgemein 0.0509	0.1908	0.2669 3.7471
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0801		
	Sinnesorgane 0.0588		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0616		
	Zervix 0.1810		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0275
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0247
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0976
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.1802
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0274
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

## Beispiel 3

## Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz s. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasentumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erforschung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.54	identisch zum humanen IgG aus V-D-J6 Region	202	202	unbekannt
2	99.51	unbekannt	287	1926	unbekannt
3	99.2	unbekannt	196	762	unbekannt
4	98.58	unbekannt	295	918	unbekannt
5	97.43	unbekannt	303	1146	unbekannt
6	97.43	identisch zum Kaposi Sarcoma-assoziierten Herpesvirus Glycoprotein M	173	2407	
7	95.29	Hyaluronectin (HN) ist ein Glykoprotein, dass Hyaluron bindet und oft in humanen Tumoren gefunden wird	204	1471	unbekannt
8	95.29	unbekannt	186	1732	unbekannt
9	95.29	unbekannt	197	989	unbekannt
10	97.23	unbekannt	150	150	unbekannt
11	97.23	unbekannt	286	1467	unbekannt
12	97.23	unbekannt	221	895	unbekannt
13	97.23	mitochondriales Enzym	223	467	Chromosom 7
14	91.23	identisch zum humanen Collagen I (alpha-1-Kette)	198	511	
15	100	identisch zum humanen Keratin K7 (Typ II)	196	1899	
16	100	unbekannt	228	758	unbekannt
17	99.97	identisch zum humanen Cofilin	123	302	
18	100	das H19 Gen wird nur vom maternalen Chromosom exprimiert und stellt möglicherweise ein Tumor-Supressor-Gen dar	230	824	unbekannt
19	100	identisch zum humanen IgF-2 Wachstumsfaktor	80	2190	
20	99.56	unbekannt	271	2565	unbekannt
21	99.26	identisch zum humanen IgV-L (Klon VL 29-1)	227	461	
22	100	identisch zum humanen H19	213	2096	
23	98.77	mitochondriales Enzym	203	1348	unbekannt
24	100	identisch zum humanen Anti-Hepatitis A IgG Variable Region	209	358	
25	96.49	identisch zum humanen Saposin	89	89	
26	94.05	Gen, dass durch IL6 induziert wird	229	1632	unbekannt
27	94.05	unbekannt	195	2972	unbekannt
28	100	identisch zu Immunoglobulin M schwere Kette V Region	207	496	
29	100	identisch zur humanen Ig schweren Kette (variable Region)	212	397	
30	100	identisch zur cDNA, die die leichte Kette eines monoklonalen Antikörpers kodiert, der gegen das humane Cytomegalovirus 65 kD Protein gerichtet ist	243	772	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
31	90.26	unbekannt	210	1031	unbekannt
32	90.26	mitochondriales Enzym	184	739	unbekannt
33	100	identisch zur Ig kappa leichten Kette variable Region D11.	89	651	
34	99.76	identisch zum humanen hsp27	197	823	
35	100	identisch zur Ig schweren Kettenvariablen Region V(2-1) (V(h)-IV Familie).	231	457	
36	93.95	unbekannt	203	1203	unbekannt
37	93.95	identisch zur Immunoglobulin leichten Kette variable Region (lambda-IIIb Untergruppe) von IgM Rheuma-bezogener Faktoren.	207	207	
38	100	identisch zu US-Patent	135	346	
39	100	identisch zu einer Immunoglobulin lambda leichten Kette (X57812)	237	926	
40	99.42	identisch zur humanen hPGI mRNA, die das "bone small proteoglycan I" kodiert	73	2384	
41	99.99	identisch zu patentierter Sequenz	194	334	
42	99.77	identisch zu patentierter Sequenz	98	845	
43	99.11	identisch zur CD24 "signal transducer mRNA"	178	2233	
44	97.85	identisch zur humanen Ig schweren Ketten variablen Region (Klon M49)	242	243	
45	94.61	unbekannt	220	817	unbekannt
46	100	identisch zur Ig Alpha 1- Alpha 2m=immunoglobulin A1-A2 lambda hybrid GAU schwere Kette (secreted alpha chain)	200	1644	
47	93.7	identisch zu Pro-alpha 2(I) collagen (COL1A2) Gen	262	1133	
48	99.54	Identisch zu humanen NIC (Natural Inhibitor of Collagenase)	180	969	
49	99.28	identisch zur humanen Ferritin L Kette	104	617	
50	97.9	identisch zum humanen Calcydin Gen (auch Prolactin-Rezeptor assoziiertes Protein)	210	704	

TABELLE II

DNA-Sequenzen		Peptid-Sequenzen (ORF's)
	Seq. ID. No.	Seq. ID. No.
5	2	128
10		129
15		130
20	3	131
25		132
30		133
35	4	134
40		135
45		136
50	5	137
55		138
60		139
65	7	140
70		141
75		142
80	8	143
85	9	144
90		145
95		146
100	10	147
105		148
110		149
115	11	150
120		151
125		152
130	12	153
135		154
140		155
145	13	156
150		157
155		158
160	16	159
165		160
170		161

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
18	162
	163
	164
	165
20	166
	167
	168
23	169
	170
26	171
	172
27	173
31	174
32	175
	176
	177
36	178
	179
	180
45	181
	182
	183

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 51-106 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
 (B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
 (C) STADT: Berlin  
 (E) LAND: Deutschland  
 (F) POST CODE (ZIP): D-14195  
 (G) TELEFON: (030)-8413 1673  
 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Blasentumorgewebe

10 (iii) Anzahl der Sequenzen: 106

15 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 202 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1

tgagagtcat ggacctcctg cacaagaaca tggaaacacct gtggtttcttc ctccctctgg 60  
tggcagctcc cagatgggtc ctgtccagg tgcagctaca gcagtggggc gcaggactgt120  
tgaagcccttc ggagaccctg tccctaacat gcgtgtctc cggtgactct tccagtactt180  
actactggga ttggatccgc ca 202

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1926 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

70 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

**(C) ORGAN:**

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

tgcgatggc	tatggactg	tggctctcta	accaaaggac	cctagcgggc	tcaacaattg	60
tcaagagcag	ttgggttgc	tgaatacaat	cctcagccaa	ggatccctcc	tgtgttacag	120
atggatcagc	taaaaacaagc	caacactgaa	gacacaaaga	atgagggttag	tttcattgaa	180
accaggtaa	cacctgtgga	tgagctaaac	acaaaagatga	caatgacctt	gtaccaggt	240
tagaagctca	gagacatgcc	tgcaaaaatga	aatccctgag	gaattttgca	gctaccaga	300
gatacgttgt	tcaaaattaa	atgtctgacg	gatcaactat	ttgaggaaca	gcacatcagc	360
ttcgccctt	acgtggacaa	taggttttt	actttgacgg	tgacaagtt	ccacctgggt	420
ttccagatgg	gagtcataatt	cccacaataa	gcagccctta	ctaagccgag	agatgtcatt	480
cctgcaggca	ggacctata	gcacgtgaag	atttgaatga	aagtacagtt	ccatttggaa	540
gcccagacat	aggatgggtc	agtgggcatt	gctctattcc	tattctcaaa	ccatgccagt	600
ggcaacctgt	gctcagtc	aagacaatgg	acccacgtt	ggtgtgacac	tttcacataa	660
ctgtgcagca	catgcccgg	gtgatcagtc	agacattttt	atttgaacca	egtatctgt	720
ggtactaca	aaatttctt	gggattttat	tttgcaggca	tgtctctgag	cttcttatacc	780
tgctcaagg	cagtgtcatc	ttttgttta	gctcatccaa	aggtgttacc	ctggttcaaa	840
tgaaccta	ctcattctt	gtgtcttcag	ttttggctt	tttttagctg	tccatctgt	900
acacaggagg	gatccttgc	tgaggattt	atttcagaac	caccaactgc	tcttgacaaat	960
tgttaacccg	ctaggctct	ttggtttagag	aagccacagt	ctttcagcct	ccaattgggt	1020
tcagtagactt	ggaagaccac	agctagatgg	acaaaacagca	ttggggaggcc	ttagccctgc	1080
tcctctcaat	tccatctgt	agagaacacgg	agtcaaggagc	cgctggcagg	agacagcatg	1140
tcacccagga	ctctgcccgt	gcagaatata	aacaatgcca	tgttcttgc	aaaaacgcctt	1200
agcctgagtt	tcataggagg	taatcaccag	acaactgcag	aatgtagaac	actgaacgagg	1260
acaactgacc	tgtctccctc	acatagtcca	tatcaccaca	aatcacacaa	aaaaaaggag	1320
aagagatatt	ttgggttca	aaaaagtaaa	aagataatgt	agctgcattt	cttttagttat	1380
tttgaagccc	caaataattt	ctcatcttt	tgttgggtc	atggatgggt	gtgacatggal	1440
cttgtttata	gaggacaggt	cagctgtctg	gctcaagtat	ctacattctg	aagttgtctg	1500
aaaatgtctt	catgattaaa	ttcagcttta	acgttttgc	ggggacacact	cagagacaaat	1560
gctgtgagtt	tccaaacctca	gcccacatc	gggcagagaa	ggtcttagtt	gtccatcacc	1620
attatgat	cagactgtt	tacttggta	aggagggtc	taggagatct	gtccctttta	1680
gagacacatt	acttataatg	aagtacttgg	gaaagtgggt	ttcaagagta	taaatatcct	1740
gtatttctat	gatcatcctc	taaacattt	atcatttatt	aatcctccct	gcctgtgtct	1800
attattatat	tcatatctct	acgctgcaaa	ctttctgcct	caatgtttac	tgtgccttgg	1860
tttttgcgt	tgtgtgttgc	tgaaaaaaaa	aacattccct	gcctaagtt	gttttggcaaa	1920
agtatt						1926

5

10

15

25

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

## (B) TOPOLOGIE: linear

(S) 100% SECURE. https:// 65

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
10 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

25 ctccactgca accacccaga gccatggctc cccgaggctg catcgtagct gtcttgcca 60  
ttttctgcat ctccaggctc ctctgctcac acggagcccc agtggccccc atgactcctt120  
acctgtatgt gtgccagcca cacaagagat gtggggacaa gttctacac cccctgcagc180  
actgttgcta ttagatgtgcc gtcgtccct tggccaggac ccagacgtgt ggaaactgca240  
ccttcagagt ctgcttttagag cagtgtgcc cctggacatt catggtaag ctgataaacc300  
30 agaactgcga ctcagcccg acctcgatg acaggcttg tcgcagtgtc agctaattgaa360  
acatcgaggg aacgtatgact cctggattct ctttcctggg tggcccttgg gaaagaggct420  
ggtgttacat gagatctggg atgctgatgt gctgtttggg ggccagagaa acacacactc480  
aactgcccac ttcatctgt gacctgtctg agggccaccc tgccgctgcc ctgaggaggc540  
ccacaggctcc cttcttagaa ttctggacag catgatgc gtgtgtat gggggccca600  
ggactctgaa ccctcctgtat gacccttatg gccaacatca accccggcacc accccaaggc660  
tggctggga acccttcacc cttctgttag atttccatc atctcaagtt ctcttctatc720  
caggagcaaa gcacaggatc ataataaatt tatgtacttt aa 762

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 918 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
55 (C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

65 ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag cttcccgct ccctgcttgc aaagtggttg 60  
tgcggccagg tccgcctcca ggccacgtgg gtgcgtcggg ccaagcttc ctttccttg120  
agagaggttt ccgctgttagg agcagagctt ccggctgctg ctttcgttg cccagttcc180

gctcagtggc cgctgtccg ccccccaccc accagtcccg ctgcatttc ggcgggctc240  
 taggcggcat ggctcccg gggaggaagc gtaaggctg ggcggccgg gtcggccgtag300  
 ccgagaagcg agagaagctg gcgaacggcg gggagggat ggaggaggcg accgttta360  
 tcgagcattg cactagctg cgcgtctatg ggcacaacgc cgcggccctg agccaggcgc420  
 tgcgcctgga ggccccagag cttccagtaa aggtgaaccc gacgaagccc cggagggcag480  
 cttcgaggtg acgctgtgc gcccggacgg cagcagtgcg gaactctgta ctgggattaa540  
 gaagggccc ccaacgcaaac tcaaattccc tgacgcctaa gaggtgggtgg aagagttaa600  
 gaagtacctg tctgtgggag atttgggtat aagccctcat gctgagctt gtgtccctgg660  
 tgatgttggc acattaatg tggaaacatgg cccaaacttca gtcatgtatcc tgaagccatg720  
 gtttctccc tggcagaaat gaaggttcag ttatgaggca accctctatg aaggcattgt780  
 aaaaagtact ggattgggtt taataaaatg tggaaataaag taaaagaaaa aaaaaaaaaga840  
 gaaaaaaagaa aaagaaaaaa agaaagaaga aaaaagaaag gagaagcggag agaaagggag900  
 gccgcgggac gccggcggc 918 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1146 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

tcagtttagt ggcagggtgg ttttttaatt ttcttctgtg gctggatttt tttttttgt 60  
 ttaaataact ctctggaa gttggttat aaggccttgc caggtgtaac tttttgtaaa 120  
 tacccaccac taaagttttt taagttccat attttctcca ttttgccttc ttatgtattt 180  
 tcaagattat tctgtgcact ttaaatttac ttaacttacc ataaatgcag tttttttt 240  
 cccacacact ggattgtgag gctcttaact tctttaaaatg ataaatggcat ctttgtaaatc 300  
 ctataagcag tctttatgtc tcttaacatt cacacctact tttttttttt aaatattttt 360  
 actatttttta ttattgtttg tcctttataaa attttcttaa agattaagaa aattttaaagac 420  
 cccatttgat tactgtaatg caattcaact tttagtttac tttttttttt gtctttgtata 480  
 gttcatattc atggctgaaa cttagccaca ctatgtca ttgtatgggtt ttcacccgttga 540  
 caccgtgttag aatgtttgtat tactgttact ctctttatgc tttttttttt tgggttggag 600  
 aatgttttttctcaagccat caggatttgc tttttttttt gcttgcacaaatc tggggccacca 660  
 aagaacttga acttcacctt ttaggatgg agctgttctg gaacacatgg ctgcactttt 720  
 gaaagtcaaa atcaagtggcc agtggcgccc tttccataga gaatttgcggc agctttgttt 780  
 taaaagatgt ctgtttttt atatacacat aatcaatagg tccaatctgc tctcaaggcc 840  
 ttggctctgg tgggatttct tcaccaatta cttttttttt aatggctgc aactgtttaa 900  
 acccttgtct gatatatttg caactatgtc cccatttaca aatgttacatt ctaatgtca 960  
 gttgccaggt tccaatgcaaa aggtggcggtg gactccctt gttgtgggtgg gttttgtggg1020  
 tagtggtaaa ggaccgatatac cagaaaaatg cttcaagtg tactaattta ttaataaaacaa1080

tttaggtgttt gttaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaag; ggtgggtçgt gttgggttgtat1140  
ttggttt 1146

**5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:**

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 . (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

gagtgaggta gtgtgttgc  
ggtgttcag attgaagtga  
ttgaatcca aagagcaaga  
gaacttgcag aaatgaaaag  
aaaaagataa atgagatgtc  
tcccagctct cctactcaac  
cagcagcaag tcaaacagct  
gtcatatccat ttacagaat  
gtccagaaag tactgaagca  
agtggatcc ttggcaggac  
gtccgcagcc gtcgcattg  
cccttccaa agtttctga  
tagagacttc aaccaggcag  
gatcagccat gcccagaggt  
tgactggctg agtggctta  
ctccttccat tcctgtactc  
ggcttcaat tccaaaacat  
agtatctgt taaaaccctt  
ttttcttccc atctgcctta  
gcactattaa ctaaaatatg  
tttaagtaa attgttgaca  
ctgtgaagct cagggaaatcc  
tacagccaaa agaaatgcct  
tctgtatataat ttttattggc  
aattacagta gattatata  
aaataataat ttttccttaa  
ctaatatgag ctgccaccaa  
gcgcatttct gaatctagca  
tctaccagcg cccataaaatg  
ttgaagctaa aaccctgtat  
aatatttctg ttcaactttac  
tcgaattaag gactcttgc  
ggtctcacgg tgaaaagaaaa  
agtaaatgaa cttctgc  
atactctgag agcttctcaa  
gaaggaagtc accaaattga  
aagctcatcc aaaaggcaga  
ccagaaccag ctggcgaat  
gcatcttctg tatgtgtgc  
aattccttacc atgtgtaaaa  
actgccccctt gtcatctgc  
ttctcattcg tggtatgcac  
ggacttctcc caggagaaga  
aggtgaaagt ccctgtcatc  
ctggtcctga tgctggcagg  
tcaccaccga gtgtatgtc  
gggcagtgcc attcagcaca  
gatttaattt ctaactaaat  
catcatgata tcctgtggat  
tatatctcat caccctgtt  
aaacttaaaa acaaaagcaa  
tactgcaaat ttctatgca  
aaacatttgc gtttcaacaa  
catagttttt aaccccaact  
tcataaaatg gtttcatat  
aaacaaatact tttaggttag  
agttttcagc tatacggaaa  
cacccttaga actttcagcc  
aatccttcctt ttaccctgtt  
atctctagaa ggactgttag  
atggtaatataat tatgtgtcat  
tttcaggtta aaaatgtttc  
gagaagagag gtccatttc  
aggaaaatat tcagactctc  
aattccagca agctcaggaa  
aactggagga agataaaatg  
aggaggcctt gaacagcc  
gtcagcagct ggaggcc  
gcaagaaaaca acaccaggag  
agggcccgat ggatgaagat  
accagtcata aaagaagtaa  
ttgtgttag atccagagg  
tgtggccctg ctagttctt  
ctgcccgcct cagaactgc  
cottcagatt ccagagctgg  
ggggccccctt cctccatccc  
gaggcctcct gcagtgaatg  
ggagagctt tttgcctt  
tagtatggca ctagttatg  
ttaaaaactc taattccatg  
atcaatattc agtttgc  
gttgcctt aaagtcttt  
aacttgcctc ctgctgtt  
aaacatttgc gggacagtag  
tttgcattat tttttttc  
ctgaactct aaataagtga  
aactgttgc gactttta  
ggtagttatg tatgcac  
atggtgttca cagaattgt  
aatgttttgc atgccc  
taccaatctg ttttcaact  
agcagaggc tcggaaaaaa  
taacacgc gcaacttcc  
gtccatttc 60  
120  
180  
240  
300  
360  
420  
480  
540  
600  
660  
720  
780  
840  
900  
960  
1020  
1080  
1140  
1200  
1260  
1320  
1380  
1440  
1500  
1560  
1620  
1680  
1740  
1800  
1860

ttatggcatt aatcttgg 1920  
ctgaaagtag ggctctgtct 1930  
gtgcttgct gtgtggatg 2040  
gcaaaaatgg cttaaagct 2100  
atttcaaaaa tgctccaaag 2160  
cacaacagcc ccttctgccc 2220  
ttttgttagga tgcctgacga 2280  
cgagtactct gttaaatat 2340  
taatttacag aagtattgg 2400  
atgaaaaa 2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

ctcggtggaa	ccggcggttc	ctgcagcggt	ggtcggctgt	tgggtgtgga	gtttcccaagc	60
gccccctcggg	tccgaccctt	tgagcgttct	gctccggcgc	cagctaccc	gctcctcggc	120
gccatgacca	caaccaccac	cttcaaggg	gtcgacccca	acagcaggaa	tagctccgaa	180
gttttgcggc	ctccagggtgg	tggatccaat	ttttcattag	gttttgcata	accaacagaa	240
caacctgtga	ggaagaacaa	aatggccctt	aatatctttg	ggacacccgt	agaaaatcaa	300
gcttcttggg	ccaagtcagc	aggtgccaag	tctatgtgg	gcagggaaaga	cttggagtca	360
tctggactgc	agagaaggaa	ctccctctgaa	gtcaagctccg	gagacttctt	agatctgaag	420
ggagaagggt	atattcatga	aatatgtggac	acagacttgc	caggcagcct	ggggcagagt	480
gaagagaagc	ccgtgcctgc	tgcgcctgt	cccacccgg	tggcccccggc	cccagtgc	540
tccagaagaa	atccccctgg	cgccaagttc	agccctcgct	tgggttagct	ctgactgtcc	600
tgaacgcgt	cgttctgtct	gtttcctcca	tgcttgtgaa	ctgcacacaact	tgagcctgac	660
tgtacatctc	ttggattttgt	ttcattaaaa	agaagcactt	tatgtactgc	tgtcttttt	720
ttttttcttt	tgaagaacag	gttctctt	gtccttgact	cttgggtctg	tggccatgg	780
catgagtgtt	ttcttagtagt	agattggagg	gaaagcttt	tgacacttag	tactgtgttt	840
ttaagaagaa	ataatttgg	tccagatgt	ttagaggatc	ttttgtactg	aggtttttaa	900
cactttactt	gggttacca	agcctcaact	ggacagacca	taaacagttcc	acaggcaccg	960
ttccctgcgg	gccccaaacc	acaggggatc	tctccgcaga	gccttcttgg	tgttgcctta1020	
acttgccagt	ggcccttgc	cagagcttc	tcctgtgaca	tgtgcataa	gaagaggcct1080	
gcccctctg	ccttgcggcc	tgcaaaagca	agaaactgcc	ttttatttt	taaccttaa1140	
aagttagccag	atagtaacaa	gactggctgg	ctgtatgaca	aagccttgc	tctcacgcag1200	
aggaaggctt	ggatgtacaa	tgaaactgcc	tggaactaaa	agcagtgaag	caaggaggc1260	
aatcacactg	aaggccgtct	tcctccagga	acggggtccc	acaggcgtgt	tgttttaat1320	
aacctgtatgc	tgtgtgcatg	atgctgggtgc	ttgaccatga	aaggaaagtc	tcatcccttaa1380	

ttatggcatt aatcttggc 1920  
 ctgaaatgg ggccctgtct 1930  
 gacaggccc atgtccaca  
 atgtccaca  
 tggctgttgc 1940  
 tgctggct gtgctggatg 1950  
 atatgttgc 1960  
 ctgttgc 1970  
 tggctgttgc 1980  
 tttcaaaa 1990  
 tgctccaaag 2000  
 aaatgtgaaa 2010  
 ggacctttg 2020  
 tcacagca 2030  
 tcagaaaata 2040  
 cacaacagcc 2050  
 ccttctgccc 2060  
 cccacacaaa 2070  
 atgtgcaga 2080  
 gtatataaaa 2090  
 cttgagacat 2100  
 tttttagt 2110  
 ttccggatgc 2120  
 atatttattt 2130  
 cgagtactct 2140  
 ggttaaatat 2150  
 tgaaaagtt 2160  
 tatgtctgt 2170  
 ttttttagt 2180  
 tttgtcttg 2190  
 taatttacag 2200  
 aagttattgg 2210  
 agaaaataaa 2220  
 cttgtttcat 2230  
 ttgcaaaaa 2240  
 aaaaaaaaaa 2250  
 atgaaaaa 2260

5 10

2407

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

45

ctcggtcaac ccggcggtc 60  
 ctgcagcggt ggtcggtgt 61  
 tgggtgtgga gtttccagc 62  
 gcccctcggg tccgaccctt 63  
 tgagcggtct gctccggc 64  
 cagctaccc 65  
 gccatgacca caaccacac 66  
 cttcaaggg 67  
 gtcgacccca 68  
 acagcaggaa 69  
 tagctcccga 70  
 gttttccggc 71  
 ctccaggtgg 72  
 tggatccaaat 73  
 ttttcattag 74  
 caacctgtga 75  
 ggaagaacaa 76  
 aatggcctct 77  
 aatatctttg 78  
 gcttcttggg 79  
 ccaagtgc 80  
 aggtgcaag 81  
 tctagtggc 82  
 tctggactgc 83  
 agagaaggaa 84  
 ctccctgtaa 85  
 gcaagctcc 86  
 ggagaaggtg 87  
 atattcatga 88  
 aaatgtggac 89  
 acagacttgc 90  
 gaagagaagc 91  
 ccgtgcctgc 92  
 tgcgcctgt 93  
 cccagccgg 94  
 tccagaagaa 95  
 atccccctgg 96  
 cggcaagtcc 97  
 agccctgtct 98  
 tgggttagt 99  
 ctgactgtcc 100  
 tctggactgc 101  
 agatctgaag 102  
 gagacttctt 103  
 ctgcacaact 104  
 tgaggctgac 105  
 caggcagcct 106  
 gggcagagt 107  
 tggcccccggc 108  
 cccagtgc 109  
 tgggttagt 110  
 ctgactgtcc 111  
 ctgcacaact 112  
 tgaggctgac 113  
 tttttttttt 114  
 tatgtactgc 115  
 tgcctttttt 116  
 tttttttttt 117  
 ctgggtctg 118  
 tggcccatgg 119  
 tgacacttag 120  
 tactgtttt 121  
 tttttttttt 122  
 tgacacttag 123  
 tactgtttt 124  
 tttttttttt 125  
 tgacacttag 126  
 tactgtttt 127  
 tttttttttt 128  
 tgacacttag 129  
 tactgtttt 130  
 tttttttttt 131  
 tgacacttag 132  
 tactgtttt 133  
 tttttttttt 134  
 tgacacttag 135  
 tactgtttt 136  
 tttttttttt 137  
 tgacacttag 138  
 tactgtttt 139  
 tttttttttt 140  
 tgacacttag 141  
 tactgtttt 142  
 tttttttttt 143  
 tgacacttag 144  
 tactgtttt 145  
 tttttttttt 146  
 tgacacttag 147  
 tactgtttt 148  
 tttttttttt 149  
 tgacacttag 150  
 tactgtttt 151  
 tttttttttt 152  
 tgacacttag 153  
 tactgtttt 154  
 tttttttttt 155  
 tgacacttag 156  
 tactgtttt 157  
 tttttttttt 158  
 tgacacttag 159  
 tactgtttt 160  
 tttttttttt 161  
 tgacacttag 162  
 tactgtttt 163  
 tttttttttt 164  
 tgacacttag 165  
 tactgtttt 166  
 tttttttttt 167  
 tgacacttag 168  
 tactgtttt 169  
 tttttttttt 170  
 tgacacttag 171  
 tactgtttt 172  
 tttttttttt 173  
 tgacacttag 174  
 tactgtttt 175  
 tttttttttt 176  
 tgacacttag 177  
 tactgtttt 178  
 tttttttttt 179  
 tgacacttag 180  
 tactgtttt 181  
 tttttttttt 182  
 tgacacttag 183  
 tactgtttt 184  
 tttttttttt 185  
 tgacacttag 186  
 tactgtttt 187  
 tttttttttt 188  
 tgacacttag 189  
 tactgtttt 190  
 tttttttttt 191  
 tgacacttag 192  
 tactgtttt 193  
 tttttttttt 194  
 tgacacttag 195  
 tactgtttt 196  
 tttttttttt 197  
 tgacacttag 198  
 tactgtttt 199  
 tttttttttt 200  
 tgacacttag 201  
 tactgtttt 202  
 tttttttttt 203  
 tgacacttag 204  
 tactgtttt 205  
 tttttttttt 206  
 tgacacttag 207  
 tactgtttt 208  
 tttttttttt 209  
 tgacacttag 210  
 tactgtttt 211  
 tttttttttt 212  
 tgacacttag 213  
 tactgtttt 214  
 tttttttttt 215  
 tgacacttag 216  
 tactgtttt 217  
 tttttttttt 218  
 tgacacttag 219  
 tactgtttt 220  
 tttttttttt 221  
 tgacacttag 222  
 tactgtttt 223  
 tttttttttt 224  
 tgacacttag 225  
 tactgtttt 226  
 tttttttttt 227  
 tgacacttag 228  
 tactgtttt 229  
 tttttttttt 230  
 tgacacttag 231  
 tactgtttt 232  
 tttttttttt 233  
 tgacacttag 234  
 tactgtttt 235  
 tttttttttt 236  
 tgacacttag 237  
 tactgtttt 238  
 tttttttttt 239  
 tgacacttag 240  
 tactgtttt 241  
 tttttttttt 242  
 tgacacttag 243  
 tactgtttt 244  
 tttttttttt 245  
 tgacacttag 246  
 tactgtttt 247  
 tttttttttt 248  
 tgacacttag 249  
 tactgtttt 250  
 tttttttttt 251  
 tgacacttag 252  
 tactgtttt 253  
 tttttttttt 254  
 tgacacttag 255  
 tactgtttt 256  
 tttttttttt 257  
 tgacacttag 258  
 tactgtttt 259  
 tttttttttt 260  
 tgacacttag 261  
 tactgtttt 262  
 tttttttttt 263  
 tgacacttag 264  
 tactgtttt 265  
 tttttttttt 266  
 tgacacttag 267  
 tactgtttt 268  
 tttttttttt 269  
 tgacacttag 270  
 tactgtttt 271  
 tttttttttt 272  
 tgacacttag 273  
 tactgtttt 274  
 tttttttttt 275  
 tgacacttag 276  
 tactgtttt 277  
 tttttttttt 278  
 tgacacttag 279  
 tactgtttt 280  
 tttttttttt 281  
 tgacacttag 282  
 tactgtttt 283  
 tttttttttt 284  
 tgacacttag 285  
 tactgtttt 286  
 tttttttttt 287  
 tgacacttag 288  
 tactgtttt 289  
 tttttttttt 290  
 tgacacttag 291  
 tactgtttt 292  
 tttttttttt 293  
 tgacacttag 294  
 tactgtttt 295  
 tttttttttt 296  
 tgacacttag 297  
 tactgtttt 298  
 tttttttttt 299  
 tgacacttag 300  
 tactgtttt 301  
 tttttttttt 302  
 tgacacttag 303  
 tactgtttt 304  
 tttttttttt 305  
 tgacacttag 306  
 tactgtttt 307  
 tttttttttt 308  
 tgacacttag 309  
 tactgtttt 310  
 tttttttttt 311  
 tgacacttag 312  
 tactgtttt 313  
 tttttttttt 314  
 tgacacttag 315  
 tactgtttt 316  
 tttttttttt 317  
 tgacacttag 318  
 tactgtttt 319  
 tttttttttt 320  
 tgacacttag 321  
 tactgtttt 322  
 tttttttttt 323  
 tgacacttag 324  
 tactgtttt 325  
 tttttttttt 326  
 tgacacttag 327  
 tactgtttt 328  
 tttttttttt 329  
 tgacacttag 330  
 tactgtttt 331  
 tttttttttt 332  
 tgacacttag 333  
 tactgtttt 334  
 tttttttttt 335  
 tgacacttag 336  
 tactgtttt 337  
 tttttttttt 338  
 tgacacttag 339  
 tactgtttt 340  
 tttttttttt 341  
 tgacacttag 342  
 tactgtttt 343  
 tttttttttt 344  
 tgacacttag 345  
 tactgtttt 346  
 tttttttttt 347  
 tgacacttag 348  
 tactgtttt 349  
 tttttttttt 350  
 tgacacttag 351  
 tactgtttt 352  
 tttttttttt 353  
 tgacacttag 354  
 tactgtttt 355  
 tttttttttt 356  
 tgacacttag 357  
 tactgtttt 358  
 tttttttttt 359  
 tgacacttag 360  
 tactgtttt 361  
 tttttttttt 362  
 tgacacttag 363  
 tactgtttt 364  
 tttttttttt 365  
 tgacacttag 366  
 tactgtttt 367  
 tttttttttt 368  
 tgacacttag 369  
 tactgtttt 370  
 tttttttttt 371  
 tgacacttag 372  
 tactgtttt 373  
 tttttttttt 374  
 tgacacttag 375  
 tactgtttt 376  
 tttttttttt 377  
 tgacacttag 378  
 tactgtttt 379  
 tttttttttt 380  
 tgacacttag 381  
 tactgtttt 382  
 tttttttttt 383  
 tgacacttag 384  
 tactgtttt 385  
 tttttttttt 386  
 tgacacttag 387  
 tactgtttt 388  
 tttttttttt 389  
 tgacacttag 390  
 tactgtttt 391  
 tttttttttt 392  
 tgacacttag 393  
 tactgtttt 394  
 tttttttttt 395  
 tgacacttag 396  
 tactgtttt 397  
 tttttttttt 398  
 tgacacttag 399  
 tactgtttt 400  
 tttttttttt 401  
 tgacacttag 402  
 tactgtttt 403  
 tttttttttt 404  
 tgacacttag 405  
 tactgtttt 406  
 tttttttttt 407  
 tgacacttag 408  
 tactgtttt 409  
 tttttttttt 410  
 tgacacttag 411  
 tactgtttt 412  
 tttttttttt 413  
 tgacacttag 414  
 tactgtttt 415  
 tttttttttt 416  
 tgacacttag 417  
 tactgtttt 418  
 tttttttttt 419  
 tgacacttag 420  
 tactgtttt 421  
 tttttttttt 422  
 tgacacttag 423  
 tactgtttt 424  
 tttttttttt 425  
 tgacacttag 426  
 tactgtttt 427  
 tttttttttt 428  
 tgacacttag 429  
 tactgtttt 430  
 tttttttttt 431  
 tgacacttag 432  
 tactgtttt 433  
 tttttttttt 434  
 tgacacttag 435  
 tactgtttt 436  
 tttttttttt 437  
 tgacacttag 438  
 tactgtttt 439  
 tttttttttt 440  
 tgacacttag 441  
 tactgtttt 442  
 tttttttttt 443  
 tgacacttag 444  
 tactgtttt 445  
 tttttttttt 446  
 tgacacttag 447  
 tactgtttt 448  
 tttttttttt 449  
 tgacacttag 450  
 tactgtttt 451  
 tttttttttt 452  
 tgacacttag 453  
 tactgtttt 454  
 tttttttttt 455  
 tgacacttag 456  
 tactgtttt 457  
 tttttttttt 458  
 tgacacttag 459  
 tactgtttt 460  
 tttttttttt 461  
 tgacacttag 462  
 tactgtttt 463  
 tttttttttt 464  
 tgacacttag 465  
 tactgtttt 466  
 tttttttttt 467  
 tgacacttag 468  
 tactgtttt 469  
 tttttttttt 470  
 tgacacttag 471  
 tactgtttt 472  
 tttttttttt 473  
 tgacacttag 474  
 tactgtttt 475  
 tttttttttt 476  
 tgacacttag 477  
 tactgtttt 478  
 tttttttttt 479  
 tgacacttag 480  
 tactgtttt 481  
 tttttttttt 482  
 tgacacttag 483  
 tactgtttt 484  
 tttttttttt 485  
 tgacacttag 486  
 tactgtttt 487  
 tttttttttt 488  
 tgacacttag 489  
 tactgtttt 490  
 tttttttttt 491  
 tgacacttag 492  
 tactgtttt 493  
 tttttttttt 494  
 tgacacttag 495  
 tactgtttt 496  
 tttttttttt 497  
 tgacacttag 498  
 tactgtttt 499  
 tttttttttt 500  
 tgacacttag 501  
 tactgtttt 502  
 tttttttttt 503  
 tgacacttag 504  
 tactgtttt 505  
 tttttttttt 506  
 tgacacttag 507  
 tactgtttt 508  
 tttttttttt 509  
 tgacacttag 510  
 tactgtttt 511  
 tttttttttt 512  
 tgacacttag 513  
 tactgtttt 514  
 tttttttttt 515  
 tgacacttag 516  
 tactgtttt 517  
 tttttttttt 518  
 tgacacttag 519  
 tactgtttt 520  
 tttttttttt 521  
 tgacacttag 522  
 tactgtttt 523  
 tttttttttt 524  
 tgacacttag 525  
 tactgtttt 526  
 tttttttttt 527  
 tgacacttag 528  
 tactgtttt 529  
 tttttttttt 530  
 tgacacttag 531  
 tactgtttt 532  
 tttttttttt 533  
 tgacacttag 534  
 tactgtttt 535  
 tttttttttt 536  
 tgacacttag 537  
 tactgtttt 538  
 tttttttttt 539  
 tgacacttag 540  
 tactgtttt 541  
 tttttttttt 542  
 tgacacttag 543  
 tactgtttt 544  
 tttttttttt 545  
 tgacacttag 546  
 tactgtttt 547  
 tttttttttt 548  
 tgacacttag 549  
 tactgtttt 550  
 tttttttttt 551  
 tgacacttag 552  
 tactgtttt 553  
 tttttttttt 554  
 tgacacttag 555  
 tactgtttt 556  
 tttttttttt 557  
 tgacacttag 558  
 tactgtttt 559  
 tttttttttt 560  
 tgacacttag 561  
 tactgtttt 562  
 tttttttttt 563  
 tgacacttag 564  
 tactgtttt 565  
 tttttttttt 566  
 tgacacttag 567  
 tactgtttt 568  
 tttttttttt 569  
 tgacacttag 570  
 tactgtttt 571  
 tttttttttt 572  
 tgacacttag 573  
 tactgtttt 574  
 tttttttttt 575  
 tgacacttag 576  
 tactgtttt 577  
 tttttttttt 578  
 tgacacttag 579  
 tactgtttt 580  
 tttttttttt 581  
 tgacacttag 582  
 tactgtttt 583  
 tttttttttt 584  
 tgacacttag 585  
 tactgtttt 586  
 tttttttttt 587  
 tgacacttag 588  
 tactgtttt 589  
 tttttttttt 590  
 tgacacttag 591  
 tactgtttt 592  
 tttttttttt 593  
 tgacacttag 594  
 tactgtttt 595  
 tttttttttt 596  
 tgacacttag 597  
 tactgtttt 598  
 tttttttttt 599  
 tgacacttag 600  
 tactgtttt 601  
 tttttttttt 602  
 tgacacttag 603  
 tactgtttt 604  
 tttttttttt 605  
 tgacacttag 606  
 tactgtttt 607  
 tttttttttt 608  
 tgacacttag 609  
 tactgtttt 610  
 tttttttttt 611  
 tgacacttag 612  
 tactgtttt 613  
 tttttttttt 614  
 tgacacttag 615  
 tactgtttt 616  
 tttttttttt 617  
 tgacacttag 618  
 tactgtttt 619  
 tttttttttt 620  
 tgacacttag 621  
 tactgtttt 622  
 tttttttttt 623  
 tgacacttag 624  
 tactgtttt 625  
 tttttttttt 626  
 tgacacttag 627  
 tactgtttt 628  
 tttttttttt 629  
 tgacacttag 630  
 tactgtttt 631  
 tttttttttt 632  
 tgacacttag 633  
 tactgtttt 634  
 tttttttttt 635  
 tgacacttag 636  
 tactgtttt 637  
 tttttttttt 638  
 tgacacttag 639  
 tactgtttt 640  
 tttttttttt 641  
 tgacacttag 642  
 tactgtttt 643  
 tttttttttt 644  
 tgacacttag 645  
 tactgtttt 646  
 tttttttttt 647  
 tgacacttag 648  
 tactgtttt 649  
 tttttttttt 650  
 tgacacttag 651  
 tactgtttt 652  
 tttttttttt 653  
 tgacacttag 654  
 tactgtttt 655  
 tttttttttt 656  
 tgacacttag 657  
 tactgtttt 658  
 tttttttttt 659  
 tgacacttag 660  
 tactgtttt 661  
 tttttttttt 662  
 tgacacttag 663  
 tactgtttt 664  
 tttttttttt 665  
 tgacacttag 666  
 tactgtttt 667  
 tttttttttt 668  
 tgacacttag 669  
 tactgtttt 670  
 tttttttttt 671  
 tgacacttag 672  
 tactgtttt 673  
 tttttttttt 674  
 tgacacttag 675  
 tactgtttt 676  
 tttttttttt 677  
 tgacacttag 678  
 tactgtttt 679  
 tttttttttt 680  
 tgacacttag 681  
 tactgtttt 682  
 tttttttttt 683  
 tgacacttag 684  
 tactgtttt 685  
 tttttttttt 686  
 tgacacttag 687  
 tactgtttt 688  
 tttttttttt 689  
 tgacacttag 690  
 tactgtttt 691  
 tttttttttt 692  
 tgacacttag 693  
 tactgtttt 694  
 tttttttttt 695  
 tgacacttag 696  
 tactgtttt 697  
 tttttttttt 698  
 tgacacttag 699  
 tactgtttt 700  
 tttttttttt 701  
 tgacacttag 702  
 tactgtttt 703  
 tttttttttt 704  
 tgacacttag 705  
 tactgtttt 706  
 tttttttttt 707  
 tgacacttag 708  
 tactgtttt 709  
 tttttttttt 710  
 tgacacttag 711  
 tactgtttt 712  
 tttttttttt 713  
 tgacacttag 714  
 tactgtttt 715  
 tttttttttt 716  
 tgacacttag 717  
 tactgtttt 718  
 tttttttttt 719  
 tgacacttag 720  
 tactgtttt 721  
 tttttttttt 722  
 tgacacttag 723  
 tactgtttt 724  
 tttttttttt 725  
 tgacacttag 726  
 tactgtttt 727  
 tttttttttt 728  
 tgacacttag 729  
 tactgtttt 730  
 tttttttttt 731  
 tgacacttag 732  
 tactgtttt 733  
 tttttttttt 734  
 tgacacttag 735  
 tactgtttt 736  
 tttttttttt 737  
 tgacacttag 738  
 tactgtttt 739  
 tttttttttt 740  
 tgacacttag 741  
 tactgtttt 742  
 tttttttttt 743  
 tgacacttag 744  
 tactgtttt 745  
 tttttttttt 746  
 tgacacttag 747  
 tactgtttt 748  
 tttttttttt 749  
 tgacacttag 750  
 tactgtttt 751  
 tttttttttt 752  
 tgacacttag 753  
 tactgtttt 754  
 tttttttttt 755  
 tgacacttag 756  
 tactgtttt 757  
 tttttttttt 758  
 tgacacttag 759  
 tactgtttt 760  
 tttttttttt 761  
 tgacacttag 762  
 tactgtttt 763  
 tttttttttt 764  
 tgacacttag 765  
 tactgtttt 766  
 tttttttttt 767  
 tgacacttag 768  
 tactgtttt 769  
 tttttttttt 770  
 tgacacttag 771  
 tactgtttt 772  
 tttttttttt 773  
 tgacacttag 774  
 tactgtttt 775  
 tttttttttt 776  
 tgacacttag 777  
 tactgtttt 778  
 tttttttttt 779  
 tgacacttag 780  
 tactgtttt 781  
 tttttttttt 782  
 tgacacttag 783  
 tactgtttt 784  
 tttttttttt 785  
 tgacacttag 786  
 tactgtttt 787  
 tttttttttt 788  
 tgacacttag 789  
 tactgtttt 790  
 tttttttttt 791  
 tgacacttag 792  
 tactgtttt 793  
 tttttttttt 794  
 tgacacttag 795  
 tactgtttt 796  
 tttttttttt 797  
 tgacacttag 798  
 tactgtttt 799  
 tttttttttt 800  
 tgacacttag 801  
 tactgtttt 802  
 tttttttttt 803  
 tgacacttag 804  
 tactgtttt 805  
 tttttttttt 806  
 tgacacttag 807  
 tactgtttt 808  
 tttttttttt 809  
 tgacacttag 810  
 tactgtttt 811  
 tttttttttt 812  
 tgacacttag 813  
 tactgtttt 814  
 tttttttttt 815  
 tgacacttag 816  
 tactgtttt 817  
 tttttttttt 818  
 tgacacttag 819  
 tactgtttt 820  
 tttttttttt 821  
 tgacacttag 822  
 tactgtttt 823  
 tttttttttt 824  
 tgacacttag 825  
 tactgtttt 826  
 tttttttttt 827  
 tgacacttag 828  
 tactgtttt 829  
 tttttttttt 830  
 tgacacttag 831  
 tactgtttt 832  
 tttttttttt 833  
 tgacacttag 834  
 tactgtttt 835  
 tttttttttt 836  
 tgacacttag 837  
 tactgtttt 838  
 tttttttttt 839  
 tgacacttag 840  
 tactgtttt 841  
 tttttttttt 842  
 tgacacttag 843  
 tactgtttt 844  
 tttttttttt 845  
 tgacacttag 846  
 tactgtttt 847  
 tttttttttt 848  
 tgacacttag 849  
 tactgtttt 850  
 tttttttttt 851  
 tgacacttag 852  
 tactgtttt 853  
 tttttttttt 854  
 tgacacttag 855  
 tactgtttt 856  
 tttttttttt 857  
 tgacacttag 858  
 tactgtttt 859  
 tttttttttt 860  
 tgacacttag 861  
 tactgtttt 862  
 tttttttttt 863  
 tgacacttag 864  
 tactgtttt 865  
 tttttttttt 866  
 tgacacttag 867  
 tactgtttt 868  
 tttttttttt 869  
 tgacacttag 870  
 tactgtttt 871  
 tttttttttt 872  
 tgacacttag 873  
 tactgtttt 874  
 tttttttttt 875  
 tgacacttag 876  
 tactgtttt 877  
 tttttttttt 878  
 tgacacttag 879  
 tactgtttt 880  
 tttttttttt 881  
 tgacacttag 882  
 tactgtttt 883  
 tttttttttt 884  
 tgacacttag 885  
 tactgtttt 886  
 tttttttttt 887  
 tgacacttag 888  
 tactgtttt 889  
 tttttttttt 890  
 tgacacttag 891  
 tactgtttt 892  
 tttttttttt 893  
 tgacacttag 894  
 tactgtttt 895  
 tttttttttt 896  
 tgacacttag 897  
 tactgtttt 898  
 tttttttttt 899  
 tgacacttag 900  
 tactgtttt 901  
 tttttttttt 902  
 tgacacttag 903  
 tactgtttt 904  
 tttttttttt 905  
 tgacacttag 906  
 tactgtttt 907  
 tttttttttt 908  
 tgacacttag 909  
 tactgtttt 91

aatgtgtgt acttcacaat cctggactgt tgcttcaagt aaacatatac cttatgttga 1440  
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1471

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

gcagaaccta	cgcttgacgg	gcccggccgg	ggctgagccg	cgctgcgcag	cgacgcggga	60
atgaagcggg	cgctgggcag	gcgaaagggc	gtgtggttgc	gcctgagaa	gatactttc	120
tgtgtttgg	ggttgtacat	tgccattcca	tttctcatca	aactatgtcc	tggaatacag	180
gccaaactga	ttttcttga	tttcgttaaga	gttccctatt	tcattgattt	aaaaaaacca	240
caggatcaag	gtttaatca	cacgtgtaac	tactacctgc	agccagagga	agacgtgacc	300
atggagttct	ggcacaccgt	ccctgcagtc	tggtggaaaga	acgcccagg	caaagaccag	360
atgtggatag	aggatgcct	ggcttccagc	caccctatca	ttctgtaccc	gcatggaaac	420
gcaggtacca	gaggaggcga	ccaccgcgtg	gagctttaca	aggtgcttag	ttcccttggt	480
taccatgtgg	tcaccttga	ctacagaggt	tgggtgact	cagtggaaac	gccatctgag	540
cggggcatga	cctatgacgc	actccacgtt	tttactggaa	tcaaagcaag	aagtgggtac	600
aaccccggtt	acatctgggg	ccactctctg	ggcaactggcg	tggcgacaaa	tctggtgccg	660
cgcctctgt	agcgagagac	gcctccagat	gccttataat	tggaatctcc	attactaat	720
atccgtgaag	aagctaagag	ccatccattt	tcagtgatat	atcgatactt	ccctgggtt	780
gactggttct	tccttgatcc	tattacaagt	agtggatta	aatttgcaaa	tgtgaaaac	840
gtgaagcaca	tctctgtcc	cctgctcatc	ctgcacgcgt	aggacgaccc	gggtggcc	900
ttccagctt	gcaaaaagct	ctatagcatac	gcccacccag	ctcgaagctt	ccgagattt	960
aaagttcagt	tttgcctt	tcattcagac	cttggctaca	ggcacaaaata	catttacaag	1020
agccctgagc	tgccacggat	actgagggaa	ttcctgggg	atgcggagcc	tgagcaccag	1080
cactgagct	ggccgtggga	aggaagcatg	aagacctctg	ccctcttccc	gttttctcc	1140
agtcagcagc	ccgtatct	gaagccccgg	ggggccggca	cctgcaatgc	tcaggagccc	1200
agtcgcacc	tggagagac	ctcagatccc	aggccccgg	gcccctgcag	gcctgcagt	1260
cccgaggccc	tgagcatggc	tgtgtggaaa	gcgtgggtgg	caggcatgt	gctctccttg	1320
ccgccccctca	acctgagatc	ttgttgggg	acttaatggc	agcaggcagc	catcaactgccc	1380
tggttgatgc	tgcaactgagc	tggacagggg	gagttccgggc	aggggactct	tggggctcg	1440
gaccatgtct	agctttttgg	caccacccac	agagaacgtg	gggtccaggt	tctttctgc	1500
ccttcccacgc	acatgcagaa	tgactccagt	ggtccatcg	tcccctctg	ccctgtgtac	1560
ctgcttgct	ttctcagctg	ccccaccc	cctgggctgg	cccactcacc	cacagtggaa	1620
gtgccccggga	tctgcacttc	ctcccccttc	acccaccc	acacctaacc	tggccttaga	1680
ctqagctta	ttaagaata	aaatcgttgt	gggtggtaaa	aagacactt	gc	1732

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

cggttcgagc gtgatcgctg actcagctga ccctgcggga ccggaaaaag aaattcccg 60
gccctgctt cttggcgcga tgagggtccg gttctgtgtt gatctggact gtcccgactg120
ggctcggca gaaatcagca cgctggccaa gatgtcctct gtgaagttgc ggctgctctg180
caccaggtaa taaaggagct gctgggacag gggattgatt atgagaagat cctgaagtc240
acggctgacg ccaagttga gtcagggcgt gtgaaggccaa cagtggcaat gctgagtttc300
atcctctcca gtgcggccaa gcacagtgtc gatggcgtat ccttgcctcg tgaactgcag360
cagctgggc tggccaaaaga gcacgcggcc agctgtgcc gctgttatga ggagaagcaa420
agccccctgc agaagcactt ggggtctgc agctacgtca tgaataggtt ggcagggttg480
ggctggccgg tggactacac cctgagctcc agctgtgtc aatccgttga agagccatg540
gtgcacctgc ggctggaggt ggcagctgcc ccagggaccc cagcccagcc tttgcccattg600
tccctctca gagacaagtt ccaggcttc ctggcagaac tgaagcaggc ccagaccctg660
atgagctccc tgggctgagg agaagggtgt tccaggcctg tggagccg ccctgcccgt720
atggagtca cccctctgaa ctgctttcg ggaggcagcc ctggttctag gatgctgagg780
ccctggcccg gactctggcc tcccagatcc ccagctgcct cacttctctc ttgagaactt840
ggctcaggcc tcctgaggac ctttccctcattacattcc ctcccttga aagcaattg900
ttggctgttt tcataaggcag gaaaaataaa cagaagtata aaagagaaaa aaaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa 989

```

35

40

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 150 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

20 attttatgaa gttgaaaaat agtcacattt aaagcttagtt ttgaagacgt gcagctgtga 60  
cttgggtctg gttgggggtg ttgtgtttt agtcagccgt tttcactccc actgagggttg 120  
tcagaacatg cagattgctt cgattttctc 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
35 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

55 cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacgact ataaaatggc gcgtgctgca acccgccccc 60  
gcttcggaga gagaatgtct ggggtgcagc ttcaagctta ggaccaccca ccatgcctat 120  
ccaggtctg aagggcctga ccatcaactca ttaagaacag aggaggctgc ctgttactcc 180  
tggtgttgc tccctccaga cactctgtct tttctgcctt aggcgtggct gcagccatgg 240  
cttagaaagc gtcgcaccc acccacctgg gccagagctg gtttgcgtcc tgctgcagg 300  
50 acactgagct ggttatctcg ggcgttccggg caagaactgc aacaggctct cctgggtct 360  
60 gcaggtgtac agccggccccc ctgccttgc tctcactctcg cgagagctgc tgctgcggg 420  
tgacctgtatc caacctgtata aggtgcaccc ttcaagctacc actgcaaggc cctgaggggca 480  
acagcagcac ggcaactgccc acccggtctgc tgatggctg gtgcacgtg ggagtccctcc 540  
cgcaacttcg aggccactga ggcaccccttc cagccccagc ccaccatggc caggggtatc 600  
65 cagcttcctc ctcaacctcg tcctctggcc ctgagccagt gacgcccggat gacatgcctg 660  
ttacccaggt cctgtaccag cactagctgg tcaagggcat gacagtgtcg gagggccgtct 720  
tggagatcca ggcacatact ggcagcaggc tgctctccat ggtgccaggc cccggccaggc 780  
caccaggctc atgctggac ccaaccaggc gcacaaggac ttggctgtcg agccacacac 840

# DE 198 18 619 A 1

ccaggagaag gtggataagt gggctaccaa gggcttcctg caggcttaggg gggaggccac 900  
 ccccgcttcc ctattgtac caggcctatg gggaggagct gtccatacgc caccgtgaga 960  
 cctgggcctg gctctcaagg acagacacccg cctggcctgg tgctccaggg gtgaagcagg 1020  
 ccagaatctt gggggagctg ctccctggtt gagtcgtt caggaagtgc gggacatgg 1080  
 agggggaggca aaaagcctt ggcacttaccc tccctgttga gctgttcggt gtccgtcag 1140  
 ctggccacac cctgacacca tggtaagggtt accggaaaga aagggtgtc tgcccccaac 1200  
 ctccccctgtg ggtgtactg gccagatgtc atgaggaaag caggccttgt gagtggacac 1260  
 tgaccatgag tccctggggg gagtgtatccc ccaggcatcg tggccatgt tgacttctg 1320  
 cccaggcagc aggggtgggtg ggtaccatgg gtggccaccc ctccaccaca tggggcccc 1380  
 aagcactgca ggccaagcag ggcaacccca cacccttgc ataaaagcat cttaaagctt 1440  
 taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaataa 1467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 895 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

ctcgaggccgc tcgagaacct cacttcctta ctccctccaaa aagaagtggg gaaagaacca 60  
 tcaaaccctt cctcctgact taccaaacca ggaaaacagc aggagagggt ggctcaggac 120  
 ttagggacag ggtatagctt agatggtgg aagcaaaggaa gagcaggaag ttgtaaatca 180  
 ctggctaatg agaaaaggag acagctaact cttaggatgaa gctgtgacta ggctggagtt 240  
 gcttccttga agatggact cttgggtat caagacctat gccacatcac actgggcta 300  
 gggaaatggg ttagtgcagc cctcaagtct gtcttcagcc agggacttga gaaggatata 360  
 tgggcagtgg ctccaatctg tggaccatgt tttcagcttt ccctgaagat caggcagggt 420  
 gcccatttattt gtctttctct cctagcccc tcagggaaaga aggacttat ttgtactgt 480  
 cccttagggg tctggaaaggaa aaaaatggaa atcaggattc tatagactga tagggcttat 540  
 ccacaaggcc catgactggg aaaaaggatgg ggacgacaag gagaattggg attttaggg 600  
 gcaagtacgtt caccctaaac ttttggggc ctggggcatg tcttgaggcc cagactgtta 660  
 agcaggctct gtggcctgt ttactctgtca ccacctctgc acctgctgtc ttgagactcc 720  
 atccagcccc aggcacgcca cctgctcctg agcctccact atctccctgt gacgggtgaa 780  
 cttcgtgtac tttgtctggt gtccatataat gaattgttag cagggttcat ctatataaa 840  
 cacagatgtt tacaaaataa agattatttc aaacccaaaaaaa aaaaaaaa 895

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 467 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

30 acccagcagc cctcgccg 60  
tgtaccatgt aaggacaaga aacttctgga ggtcaaaactg ggggagctgc caagctggat 120  
cttgatgcgg gacttcagtc ctagtggcat tttcggagcg tttcaaaagag gttactaccg 180  
gtactacaac aagtacatca atgtgaagaa ggggagcatc tcggggattt ccatggtgct 240  
ggcatgtac gtgctcttta gctactcctt ttcctacaag catctcaagc acgagcggct 300  
ccgcaaatac cactgaagag gacacactct gcacccccc accccacac cttggcccga 360  
35 gcccctccgt gaggaacaca atctcaatcg ttgctgaatc ctttcatatc ctaataggaa 420  
ttaacctcca aataaaacat gactggtagc tgtaaaaaaaa aaaaaaaaaa 467

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 511 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

actagttcta gatcgcgagc ggccgcctt tttgttcaaa gtctattttt attctttttt 60  
 tctttttttt ttttttgtgg atggggactt gtgaattttt ctaaagggtgc tatttaacat120  
 gggaggagag cggtgtgcggc tccagccag cccgctgctc actttccacc ctctctccac180  
 ctgcctctgg ctctctcaggc ctctgtctc cgacccctctt cctctgaac cctccctccac240  
 agctgcagcc catccctcccg ggcgcctctt agtctgtctt ggcgcctctg tcccccgggtt300  
 tcagagacaa ctccccaaag cacaagcag tttttcccc taggggtggg aggaagcaaa360  
 agactctgtta ccttattttgt atgtgtataa taatttgaga tgtttttaat tattttgatt420  
 gctggaaataa agcatgtgga aatgacccca aacataaaaaa aaaaaaaaaaaa480  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa511 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1899 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

45

tctccaccct ccccttcctt ctttctttt ccccttccttgc acgtggatc actcaggccct 60  
 cagaatgagg ctgcattttt ggaagctatt ctgacatcac ttccagact gtctcaactgt 120  
 cttggacca ggcattggag gcgggggtgg gaatcttctt gtgattgtgg gtggggctg 180  
 gaggagtggc gtgggtggag gcccgtcactg cgcgggactt cctgcactg gcgatgcgg 240  
 tccggatggc ataagccttc aggagccag gacccgactt gctggagaag ctcaaggccat 300  
 tgctgccccat ggttcccccg agggtcagcc caatgccacc gccactgcta ctggcaccag 360  
 tggaaattcat cacagagata ttcacggctc ccaactccatc tccagccaa cggctctct 420  
 cgcctccag cagcttgcgg taggtggcga tctcgatgtc caggccagc ttcaagctca 480  
 tgagttctcg gtactcacgc agctgccgtg ccatatccctg ctggcccg tgcaggccgg 540  
 ctccagctc ctccctgcttgc gcacgagcat ctttgagccgc cagctcccca cgctccctcg 600  
 cctccgcaat ggccgcctcc aacttggcac gctgggtctt gatgttgcg atctcagcc 660  
 gcagccctcg gatggcccggt ttcatctctt aaatctcatt ccgggtattc cggaggctgt 720  
 ccccatcgat cccagcctgg gcctggaggg tctcaaactt ggtctggatc caggttcag 780  
 cctcagcccg gtcgcatttc gccatctctt catactgcgc cttgacccatc gcgatgtgc 840  
 cgtccaggctc caggagcga ctgttgcctca tggacagcac cacagatgtg tcggagatct 900  
 gggactgcag ctctgtcaac tccgtctcat tgagggtctt gagaagttt atctcatcat 960  
 tcagggcatc caccttggcc tccagctcca cttgtctcat gtagggcagca tccacatcc 1020  
 tcttcagcac cacaactca ttctcagcag ctgtgcggcg gttatttca tcttcgtact 1080  
 tattctgaa gtcctccacc acatccgtcc atctccgcag ctccgcctcc agggggcccc 1140  
 catccacccctg cagtgcctca agctgacccca aatctggcc tcaaagatgt 1200  
 ctggggggcg gtcgtcttgc gcccgcattt gtcctgcag cagcgtccac ttggctccal 1260

```

gca gctt gtt ctg ctg ctcc agaa accg ca cctt ytcg at .aa aguagg ca a a ctt ytt ytt 1320
tgagg ggtctt gat ctg ctcc gtcg ctct cctc ct ggccuaccg Ctg gatggay ggg tccggcgt 1380
ccagccgcag cggg ccagc agg ctg tgg taa tgg tgc ctc gggatg cccggccca 1440
ccgggcccccc ataggc agag cgc acgg cca cgc cggccg tgagg cggccg agg cgt aga 1500
ggctgctgct gcca aggccg cggggccgag cggagctc ag ggcac ctgg ggcgc 1560
ccgagaaggc ggctgagcgc gaggtgaata cccggggagct gaa gtggatg gac atgg tgg 1620
ctgggccccgg atggacctag cggcggccgaa ggaggagcgc gca ctgcgtg acctcggg 1680
cactccgcac cttt atccg cggg agccgg tgctggc tt ccac aggt ag ggg cggg gct 1740
ggccgcgggc accg ttt ctc tgctg ccagg cccct cctgc gctccgtcc gccctctgccc 1800
cgcccccccccc gcca aggc cc agg ctt cag tccaa g cagg gatgg tccgg agt agg cagg 1860
agcgc catcc ctag acggcc gcag agaa aca gcgggg gac 1899

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

**(iii) ANTI-SENSE: NEIN**

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

45	cggtcgagc ggctcgaggg gcaagaagaa catcacgtgc tggacaccg acttgtgcaa 60
	cgccagcggg gccccatgccc tgcagccggc tgccgccatc cttgcgctgc tccctgcact 120
	cggcctgctg ctctggggac ccggccagct ataggctctg gggggccccg ctgcagccca 180
50	cactgggtgt ggtgccccag gcctctgtgc cactcctcac agacctggcc cagtggagc 240
	ctgtcctggc tcctgaggca catcctaagc caagtctgac catgtatgtc tgcacccctg 300
	tgccccaccc tgaccctccc atggccctct ctaggactcc caccggcag atcagctcta 360
	gtgacacaga tccgcctgca gatggccct ccaaccctct ctgtctgtt ttccatggcc 420
55	cagcattctc cacccttaac cctgtctca ggcacctt ccccccaggaa gccttccctg 480
	cccaccccat ctatgacttg agccaggctc ggtccgtgtt gtcccccgcga cccagcagg 540
	gacaggcact caggagggcc cagtaaaggc tgagatgaag tggactgagt agaactggag 600
	gacaagagtc gacgtgagtt cctgggagtc tccagagatg gggcctggag gcctggagga 660
	aggggcccagg cctcacatc gtggggctcc ctgaatggca gcctgagcac agcgtaggcc 720
	cttaataaac acctgttgaa taagccaaaa aaaaaaaaaa 758

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 302 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

25

cggtcgacg gtctcgagat caagcatgaa ttgcaagcaa actgctacga ggaggtcaag 60  
gaccgctgca ccctggcaga gaagctgggg ggcagtggc tcatctccct ggagggcaag120  
cctttgttag cccctttctg cggcccttgg cctgggagca tctgggcagg ccccaacacc180  
ttgcccccttgc ggggtttgca gggctcgccc cctttcctgg ccagaaccgg gagggggctg240  
gggggggatt cccaggcagg ggggggagggg ccaattccct ttcaacccccc cagttgggc300  
ca 302

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 824 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

65

ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggg ggggctgcgg 60  
caagaagcgg gtctgtttct ttacttccct cacggagtgc gcacactatg gctgccccctg120

5 ggctcccaga acccacaaca taaaaaaaat ggtgtccccc agctcaagrc tgccctttg180  
 aatccggaca caaaaacccctc tagcttggaa atgaatatgc tgcacattas aaccactgca240  
 ctacctgact caggaatcg ctctggagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc300  
 caacatcaa gacaccatcg gaacagcagc gcccgagca cccacccccc accggcact360  
 ccatctcat ggcacccccc tgccggcggac ggttggaccac cagccaccac atcatccag420  
 agctgagctc ctccagcggg atgacgcggc cccaccacc tccctcttct tcttttcat480  
 ctttgcctct ctttgcctct gagctttccct gtctttccct ttttctgaga gattcaaage540  
 10 ctccacgact ctgtttccct cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catttgcact600  
 ggttggagg tggagacgg ctttgagttc cagtagt gtgcgtgagt gtgagccacc660  
 ttggcaagtg cctgtgcagg gcccggccgc cttccatctg ggccgggtga ctggggcgcc720  
 ggctgtgtgc cccaaggcct caccctggcc cttcggcctt agtctggaa gtttccgaac780  
 cgaacatcaa gggaggcaag ctttcaagg catttccatt aatt 824

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2190 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

50 tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttcatgact ttaatgctt 60  
 tattggatt gcaagcgtta caaggtaaa gacaaaaccc aagcatggga ttttgcgg 120  
 aatattagcg ttaaaggagc tgagttgagt caaacacggg cgcgaagg 180  
 gcaggcacag gtgacattca gtgttgcgc tgggggtctt caggtgatgg cagaggagg 240  
 gacccaagag gggccccccc actgaagaca ttggggacac ggggaggaga caagatggag 300  
 55 agccacgact aggacggag gtcagacagg cagccggc caggtgggtt agtggcc 360  
 gggagagctg caaacctggg gacgcagg gctggcgc aagtgc 420  
 actccggcga ggcagaat aacactgggt ggggggtgt cctgacgaaat gggcaggtaa 480  
 tttgggtgc ctcgaagcgt tttggatctc aggccaatgt gggttccaca attgtgacaa 540  
 tttggctctt tgggtctctg tccaatgtt cgaatggcc actcacagg cgctggc 600  
 60 gggacccttct ggcacgctcg agctcgagcc gaaatgggg aaaaaaaaaa ttcatgtca 660  
 attgatctat tccccctctt ttttttctt ggcgtttt ttttacccc tccttagctt 720  
 tatgcgtctca gaaacccaaat taaacccccc cccatgtaa caggggggca gtgacaaaag 780  
 caagaacgca cgaagccagc ctggagacca ccacgtcctg ccccccggcca tttatcgccc 840  
 tgattggatt ttgttttca tctgtccctg ttgttgggt tgagttgagg gtggagcc 900  
 65 ctggggggca ctggccactg agccccctt gagaagtcag agggggatgg agaaggccac 960  
 tgcggccctt ggcttctggg gacagtggct ggtccccaga agtccctgagg gcggagggg 1020  
 gggttgggca gggctcctc aggtgtcagg aggtgtcctg gaggccacag gagggggctc 1080  
 ctggctggcc tgaggctggc cggaggggaa gggcttagca ggtgtgtaaa cagagggttc 1140

catcaggctg ggcagggtg gccccttcc gcaacttga ggaacccttc 5  
 ggtgacatct tgcccgcccc tcagcacccct gccttgttc caggagggtcc gaagcttgt 120  
 gggaccttt gggggcaagg tggggtgagg ccggggagta gggagggtcag ggggtctga 1320  
 gcccacagag caggagagct gccaggtctg cccatcgacc aggttgcttgc gccccggag 1380  
 cccacgggtc tggtgatgcc atagcagcca ccacccggc gcctagggtc gggcaggga 1440  
 ctgcgcctc gggagggtta cctcgcccc acttgtgccc ccagctcagc cccctgcac 1500  
 gcagccgcac tagcagtcta gaggcctgag gcttgtgggctcctgcac 5  
 gaccccccggg gtcgtccatg ccagtccgccc tcagtcgcag agggtcctc ggcaagcgcc 1620  
 ctgtgagtgg gccattcgga acattggaca gaagccaaaatt gtcacaattg 1680  
 tggAACCCAC atggcctga gatccaaaac gcttcgagggc accccaaatt acctgcccatt 1740  
 tcgtcaggac acccaccac ccagtgttat attctgcctc gccggaggtgg gtgttccgg 1800  
 gggcacttgc cgaccagccc cttgcgtccc caggttgca gctctccct gggccactaa 1860  
 ccatcttggc ccgggctgcc tgcgtgaccc tcgtgcctag tcgtggcttccat 1920  
 tcctcccggt gtcccaatg tcttcagtgg gggccccctt cttgggtccc tcctctgccc 1980  
 atcacctgaa gaccccccacg ccaaacaactg aatgtcacct gtgcctggc cctcggtcca 2040  
 ccttgcggcc cgtgttgac tcaactcagc tccttaacg ctaatatttc cggccaaaatc 2100  
 ccatgttgg gttttgtctt taaccttgc acgcttgcac tcccaataaaa gcataaaaag 2160  
 tcatgaaatt caaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa 2190 20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2565 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

ctccccccacc tggggccgc aagccgtctg tgggggtccc ggaccccgcc tcccccaagg 60  
 accctcgagc tgagccccctt actgctccctc ccaccaatgg gctccctcac acccaggaca 120  
 ggactaaagag ggagctggcg gagaatggag gtgtcctgca gctgggtggc ccagaggaga 180  
 agatgggcct cccgggctca gactcacaga aagagctgc ctgaccacca ggcacccatc 240  
 tggcactgt gaccatccc agaaacacaa tctcaggagac ccgagcaatg ccaaggacga 300  
 gaggatacag cagacacaaac ctaatagaga gggcgctgc agcctaacc tccacggcct 360  
 tcgataactta tgcaagctg gtgttgcctc tgctctcaga gtcataatgc gctcatgcct 420  
 tttcccaat gggtcaccc tcggcagttg ccgttcaatg cttggccctta gcctcatctt 480  
 gaagtggta gctggcgaaa gagggtggct ggcggccctg ctggccctga ggctgcagag 540  
 ttgggagcag gacacccatc ctgagttca tttttttca tgcacatac atgcacatac 600  
 tatagttccag aatcaaagca cttttggaaa gtggctgcac ggcacccatc cagggccca 660  
 gaagtggcat tccaaggcc tggatccatg gcagcagaat ccatccccgg cagtcagcccc 720  
 atagcttggg accagtcgt gccccttcgc ccagtccatg ttactccctt tgggttccatg 780  
 aggtggccaa gtcattgtgt tccacacggc ttctcttaggc tggggggcagg tggggggctg 840

acagcctcag aagctattat gcaagctggc accagcagaa yccaggapag gcccctgtac240  
 ttgtcatcta tgtaaaaaac aaccggccct caggatcc agaccgatcc tctggciucca300  
 gctcaggaaa cacagcttcc ttgaccatca ctggggctca ggccgaagat gaggctgact360  
 attacttgc aactccccgg gacagcaagt gggtaacca tttgggtatt ccggcgggag420  
 ggaccaagc ttgaccctt cttaaaggc cccaaaggg c 461

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 2096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

atcccggta cttttggta caggacgtgg cagctgggtg gacgaggggg gctggggc 60  
 agggttgat cccaggccct gggcaacgga ggttagctg gcagcagccg gcaggtgagg 120  
 accccatctg ccgggcaggat gagtcccttc cctcccccagg cctcgcttcc ccagccttct 180  
 gaaagaagga ggttttagggg atcgagggtt ggcggggaga agcagacacc ctcccgacag 240  
 agggggcaggaa tgggggcagg agagtttagca aaggtgacat cttctcgggg ggagccgaga 300  
 ctgcgcagg ctgggggggtt atggggggctt tccaggcaga aagagcaaga gggcaggag 360  
 ggagcacagg ggtggccagc gttaggttcca gcacgtgggg tggtagccca ggcctgggtc 420  
 agacaggagc atggcaggggg acacaggaca gagggttccc cagctccac ctcacccacc 480  
 gcaattcatt tagtagcagg cacagggca gctccggcac ggcttctca ggccttatgcc 540  
 ggagcctcga gggctggaga gggggaaagac aggcaagtgc cggggagttt cagcaggacg 600  
 tcaccaggag ggcgaacggc cacgggagggg gggcccccggg acattgcgc caaaggaggg 660  
 tgcagggct cggcctgcgg ggcgggtcc cacaggacac tgcggccag ggtctgggtc 720  
 ggagaggggc cacagtggac ttggtgacgc tggatggccct caccgctcag cccctggggc 780  
 tggcttggca gacagtacag catccagggg agtcaagggc atggggcgag accagactag 840  
 gcgaggcgccggc cggggcggag tgaatgagct ctcaaggaggg aggatgggtc aggcaagggg 900  
 gaggagccca gggggcggc agcgggaggc actggcctcc agagccctg gccaaggccg 960  
 gcctcgggg cggcgacggc gcccggatgc gtggctcagc gttccgggtc gagacggggc1020  
 caggctccca gctgggggtgg acgtgcccac cagtgccga aggcaagac ccaggtccgg1080  
 tggacgtgac aaggcaggaca tgacatggc cgggtgtgacg gggggcggc1140  
 tccggcttc ctgaacaccc tggatgggtg gggctggc gggcccttc aagaaggccgg tctgtttctt1200  
 tacttctcc acggagtcgg cacactatgg ctggcccttc ggctccca gggccacac1260  
 taaaagaaat ggtgttaccc agtcaagcc tggcccttc aatccggaca caaaaacccctc1320  
 tagcttggaa atgaatatgc tgcactttac aaccactgca ctacactgact caggaatcgg1380  
 ctctggaaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc caacatcaaa gacaccatcg1440  
 gaacagcagc gcccgcagca cccacccccc accggcgact ccatttcat ggcacccccc1500  
 tgcggccggac ggttgaccac cagccaccac atcatcccg agtctgact cttccagcg1560  
 atgaccccgt cccaccacc tccctttctt tttttcttcat cttctgtct cttttttctt1620  
 gagcttccctt gtcttcctt ttttctgaga gattcaaagc ctccacgact ctgtttcccc1680

55

60

65

10 cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catitgcact ggttggagtt gtggagac 1740  
 ccttgagtct cagtacgagt gtgcgtgagt gtgagccacc ttggaaagtg cctgtgcagg 1800  
 5 gcccggccgc cctccatctg ggcgggtga ctgggcggccg gctgtgtgcc cgaggcctca 1860  
 ccctgcccctc gcctagtctg gaagctccga ccgacatcac ggagcagcct tcaagcattc 1920  
 cattacgccc catctcgctc tgtgcccctc cccaccaggc cttcagcagg agccctggac 1980  
 tcatcatcaa taaacactgt tacagaaaaaaaagaaaaaaaagaaaaaaaagaaaaaaa 2040  
 aaagaaaaag aaaaggaaaaaaagagagaggaggaga agaaaaggga gtgtgg 2096

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1348 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

45

ctctcgcgag gccccagaga gcaggcgctg ggcagtgtgg aggtcggtgg agtcacttcc 60  
 gcttcaccag ctctgtgcc tgccagtcgg tgcccttccc gctccagcca tgctctccgc 120  
 cctcgcccg cctgccagcg ctgctctccg ccgcagcttc agcacctcgg cccagaacaa 180  
 tgctaaagta gctgtgttag gggcctctgg aggcatcgaa cagccacttt cacttctct 240  
 gaagaacacgc cccttggta gcccgcgtac cctctatgtat atcgcgacaca caccggagt 300  
 50 ggcgcagat ctgagccaca tcgagaccaa agccgctgtg aaaggctacc tcggacactga 360  
 acagctgcct gactgcctga aagggtgtga tggtagttt attccggctg gagtccccag 420  
 aaagccaggc atgaccgggg acgacctgtt caacaccaat gccacgattt tggccaccct 480  
 gaccgctgcc tggcccagc actgcccggaa agccatgtatc tgcgtcattt ccaatccgg 540  
 55 taattccacc atccccatca cagcagaagt ttcaagaag catggagtgt acaacccaa 600  
 caaaatcttc ggcgtgacga ccctggacat cgtcagagcc aacacctttt ttgcagagct 660  
 gaagggtttt gatccagctc gagtcaacgt ccctgttattt ggtggccatg ctggaaagac 720  
 catcatcccc ctgatctctc agtgcaccccc caagggtggac ttcccccagg accagctgac 780  
 60 agcactcaat gggcggatcc aggaggccgg cacggagggtt gtcaaggctaa aagccggagc 840  
 aggtctgcc accctctcca tggcgatgc cggcggccgc tttgtcttct cccttgtgg 900  
 tgcaatgaat ggaagggaaat gttttgtggaa atgttccttc gttaaatgtac agaaaacgg 960  
 atgtacctac ttctccacac cgctgtgtct tggaaaaagggcatcgaga agaacctgg 1020  
 catcgaaaaat gttctcttctt ttgaggagaa gatgtatctcg gatgccatcc ccgagctgaa 1080  
 65 ggcctccatc aagaaggggg aagatttcgtt gaaagaccctg aagttagccg ctgtgacgg 1140  
 tggccagttt ccttaattta tgaaggcatc atgtcactgc aaagccgttg cagataaact 1200  
 ttgtatTTTtta atttgcTTTt gttatgtatc ctgtatttgc atcatcatgc cttccaaatt 1260  
 gtgggtggct ctgtggccgc atcaataaaaaa gccgtccctt atttaaaaaaa aaaaaaaaaa 1320  
 aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

1348

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 5  
 (A) LÄNGE: 358 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA 15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 20

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24 30

aatgggggac cgagaagaa gtacaagagc acgggtcagg ggcgggactc cgacggctcc 60  
 ttcttctct acagcaggct aaccgtggac aagagcagg ggcaggaggg gaatgtttc120  
 tcatgtccg tgatgtcatga ggctctgcac aaccactaca cgcagaagag ccttcctg180  
 tctccgggta aatgagtgcg acggccggca agcccccgct ccccggtc tcgcggtcgc240  
 acgaggatgc ttggcacgta ccccggtgtac atacttcca ggcacccagc atggaaataa300  
 agcacccagc gctgccctgg ggccccctgca aaaaaaaaaga aaaagaatcg aaaagggg 358 40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45  
 (A) LÄNGE: 89 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

5 gcccctagcc cctggcagac atagctgctt cagtgcctt tttcctctgc tggctagatg 60  
 gatgttcatg cactggatg acttttagc 89

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 1632 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

45 gacactggtt ggttctgata agaggcaggg gaggagaaag ccgaggaaga gggagttgcg 60  
 gaagaggagg gagttacaa gttctttat ccaccatcac accgggagtg ttgtccagcc 120  
 gtggaggagg aggacgtga agaagctgta aagaaagaag ctcacagaac ctctacttct 180  
 gccttgcctc caggatccaa gcccagcaact tgggtgtctt gcccagggga ggaagagaat 240  
 caagccacgg aggataaaag aacagaaaaa agtaaaggag ccaggaagac ctccgtgtcc 300  
 ccccgatctt caggctccga ccccgatctt tgggatgtc gttcagggg ggcgtccgag 360  
 gagaaggagg aaaaggccaca caaagaaaact gggaaaggag aagctcccc agggccgaa 420  
 tcctcagccc cagcccagag gccccagtc aagtccctgtt ggtgcacacc cagtgtatgaa 480  
 50 gaggagggtg aggtcaaggc ttgggggca gctgagaagg atggagaagc tgagtgtctt 540  
 ccctgcattcc ccccaaccaag tgccttcctt aaggcctggg tgcattggcc aggagaggac 600  
 acagaggaag aggaagatga ggaagaagat gaggacagtg actctggatc agatgaggaa 660  
 gaggaggagaag ctgaggcttc ctcttccact cctgctacag gttcttctt gaagtccctgg 720  
 55 gtctatccgc caggagagga cacacagtga tacaggatca gccgaggatg aaagagaagc 780  
 tgagacttct gttccacac cccctgcac tgcattttctt aaggcctggg tgcattccgc 840  
 aggagaggac actggatgtt gaggataagg aagatgattc agaagcagcc tttaggagaag 900  
 ctgagtcaga cccacatccc tcccacccgg accagaggc ccacttcagg ggctggggat 960  
 atcgacctgg aaaagagaca gaggaaaggaa aagctgtga ggactggggga gaagctgagc 1020  
 60 cctggccctt cggactggcc atctatgtac ctggagagaa gcccacccgc ccctgggctc 1080  
 ctccctaggct gcccctccga ctgcaaggc ggctcaagcg cccagaaacc cctactcatg 1140  
 atccggaccc ttagactccc ctaaaggcca gaaagggtgcg ctcttcggag aaggtcactg 1200  
 tccatttcctt ggctgtctgg gcaggggccgg cccaggccgc ccggccaggc ccctgggagc 1260  
 agcttgcctg ggatcgcac cgcttcgcac gcccacccgc ccaggccac gaggagctg 1320  
 65 gcccctgcctt caccctgtt gcccggggcca gaggctggc acgcctcagg aaccaccc 1380  
 tagccccat ccctgcctc acccagaccc tgccttcctt ctctgtccct tcgtccccag 1440  
 tccagaccac gcccctgagc caagctgtgg ccacacccgc ccgcctcgct gctgtcag 1500  
 cggctgcctt ggacccatg gggaggcgtg gctgagacca actggtttgc ctataattta 1560

ttaactattt attttttcta agtgtgggtt tatataagga ataaaggcctt ttgatttgtat1620  
acgaaaaaaaaaa aa 1632

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2972 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

ccaggacgag	cacctcatta	cattcttctgt	gcctgtctt	gagccgcgtc	cccccctcgt	60
cttcatccga	gtgggtctgt	accgctggct	ctctgtgag	accaggactgc	ctgttcctt	120
ccggcacctg	atcttgcgg	agaagtaccc	cccttcaacc	gaacttttg	acctgcagcc	180
cttgcggctgt	tctgtctgt	gaaacagtgc	ctttagagagt	cttttaccaag	ataaatttcc	240
tttcttcaat	cccatccaga	cccagggtgtt	taacactgt	tacaacagtg	acgacaacgt	300
gtttgtgggg	gcccccacgg	gcagcgggaa	gactatttgc	gcagagttt	ccatctcg	360
aatgtctgt	cagagctcg	agggggcgt	tgttacatc	accccccattgg	aggccctggc	420
agagcaggt	tatctggact	ggtacgagaa	gttcaggac	aggctcaaca	agaagggtgt	480
actctgtaca	ggcggagacca	gcacagacct	gaagctgt	gcaaaaggga	acattatcat	540
cagcacccct	gagaagtggg	acatactttc	ccggcgtatgg	aagcgcgc	agaacgtgc	600
gaacatcaac	ctcttcgtgg	tggatgaggt	ccacatttac	gggggcgaga	atgggcctgt	660
cttagaaatg	atctgtctt	gaatgcgt	catcttcc	cagattgagc	ggcccttattc	720
cattgtgca	ctcagctt	cgctctccaa	tgccaaaggat	gtggcccact	ggctggcgt	780
cagtgcacc	tccacacca	acttccatcc	caatgtcg	cccgccccct	tggagctgc	840
catccaggcc	ttcaacatca	gccatcacaca	aaccgcctg	ctctccatgg	ccaaggctgt	900
gtaccatgt	atcaccaagc	actcgccaa	gaaggctgtc	attgtcttt	tgccgtctcg	960
caagcagacc	cgcctcactg	ccattgacat	cctcaccacc	tgtcagcag	acatccaacg	1020
gcagagggtt	ttgactgca	ccgagaagga	tctgattccg	tacctggaga	agctaagtga	1080
cagcacgc	caggaaacgc	tgctaaatgg	ggtgggctac	ctgcatgagg	ggctcagccc	1140
catggagcg	cgccctgg	agcagcttt	cagctcaggg	gtatccagg	ttgtgtggc	1200
ttctcgagg	ctctgtctgg	gcatgaacgt	ggctgcccac	ctggtaatca	tcatggata	1260
ccagtaatc	aatggcaaga	tccacgccta	tgtggattac	cccatctat	acgtgttca	1320
gatgggtggc	cacgccaacc	gccctttgca	ggacgatgag	gggcgtgt	tcatcatgt	1380
tcagggtctc	aagaaggatt	tcttcaagaa	gttcttatat	gagccatgtc	cagttagatc	1440
tcacctggac	cactgtatgc	atgaccatc	caatgtcg	atgtcaca	agaccattga	1500
gaacaaggag	gatgtgtgg	actacccatc	ctggaccc	ctgtacccg	gcatgacaca	1560
gaaccccaat	tactacaacc	tgcaaggcat	ctcccatgt	cacttgcgg	accacttgc	1620
agagctgtgt	gagcagaccc	tgagtgaccc	ggagcagtcc	aagtgcata	gcatcgagga	1680
cgagatggac	gtggcgctc	tgaacctagg	catgtatcg	gcctactatt	acatcaacta	1740
caccaccatt	gagctttca	gcatgtccct	caatgc	accaagggtgc	gagggtttat	1800

50

55

60

60

65

5	cgagatcattccaatgcagcagagtatga	gaacattccc	atccggcacc	atgaaga	aaal860
	tccctgaggcagttggctcagaagggtccc	ccacazctg	aataaaccct	agltcaat	tgala1320
	tccgcacgtcaagaccaccatgtcctgtc	ggctcacttg	tctcgatgc	agctgagtgc	1980
	ttagttgcagtcagataacggagaaaatcct	tagtaaggca	atccggctca	tccaggcctg	2040
	cgtggatgtccttccagcaatgggtggct	cagccctgtctggcagct	tggaactggc	2100	
	ccagatggtccaccaagccatgtggtccaa	ggactcatac	ctgaagcagc	tgccacactt	2160
	cacctctgagcatatcaaactgtgcacaga	caagggagt	gagagtgttt	tcgacatcat	2220
	ggagatggagatgaagaacggAACCGCGTT	gttcagctg	actgacagcc	agattgcaga	2280
	tgtggctcgctttgttaaccgttacccctaa	tatcgaacta	tcttatgagg	tggttagataa	2340
	ggacagcatccgcgtggcgggccagttgt	ggtgctgtgt	cagctggagc	gagaggagga	2400
	agtccacaggccctgtcatttgcgtctctt	cccgccagaaa	cgtgaagagg	gtggtggtgg	2460
	ggtgatttggatgcgaagtccaaatagcct	catctccatc	aaggaggctga	ccttgcagca	2520
	gaaggccaaagtgtgaagggtggacttttgtgc	cccgccact	ggtgcaccaca	actacactct	2580
	gtacttcatgagtgcacgttacatggatgt	tgaccaggag	tacaaaattca	gcgtggatgt	2640
	gaaagaagctgagacagacatgtattcaga	tttgatgtctg	aggcatttac	ttttgggtaa	2700
	agagagatggcctgttacatgttgcattttgttgc	acatgtttag	aattctggtt	gtggggacca	2760
	ggtctgtgggcctcagggtctggccagggctgggtct	gtcccccgcct	acctccactt	2820	
	ccttcccttgcctactgtgtatccagtga	cagcagggt	catgggtcaa	gcataaaatca	2880
	tatatacgatttcaggcatgttccgtatgttgc	gttctttga	gtctgacatt	ctaataaaat	2940
	aattttgtagaaaaaaaaaaccaaaaaaaaaaa	aa			2972

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 496 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55	ctcgagccga agagtcctgg acctcctgtg	caagaacatg aaacatctgt	ggttcttcct	60		
	tctcctggtg gcagctccc	gatgggtctt	gtcccagtg cagctgcagg	agtcggggccc	120	
	aggactggtg aagcctcgg	agaccctgtc	cctcacctgc	actgtctctg	gtggctccat	180
	cagtagttac tactggagct	ggatccggca	gccccccaggg	aagggactgg	agtggattgg	240
60	gtatatatctat tacagtggga	gcaccaacta	caaccccctcc	ctcaagagtc	gagtcacccat	300
	atcagtagagac acgtccaaga	accaggttctc	cctgaagctg	agctctgtga	ccgctgcggga	360
	cacggccgtg tattactgtg	cgagacaggg	tatagcagtg	gaccagctt	actactgggg	420
	ccagggaaacc ctggtcaccc	tctcctgagc	ctgcaccaag	gggccccctgg	tcttccccct	480
65	ggcacccctgc tccaaag					496

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:**

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 397 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

gagggtcctgg acctcctgtg caagaacatg aaacacacctgt ggttcttcct cctcctggtg 60  
 gcagctccca gatgggtcct gtcccaagggtg cagctgcagg agtcgggccc aggactggtg 120  
 aagcctcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg gtggctccat cagtagttac 180  
 tactggagct ggatccggca gcccgcggg aaggggactgg agtggattgg gcgttatctat 240  
 accagtggga gcaccaacta caaccctcc ctcacagatc gagtcacccat gtcaagttagac 300  
 acgtccaaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga ccggccggga cacggccgtg 360  
 tattactgtg cgagagcaaa acgcagctgg acctcag 397

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 772 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

5 gggactcctc agttcacctt ctcacaatga ggctccctgc tcagctcctg gggctgctaa 60  
 tgctctgggt ctctggatcc agtggggata ttgtatgac tcagtcctca ctctccctgc120  
 ccgtcccccc tggagagccg gcctccatct cctgcaggc tagtcagagc ctccctgcata180  
 gtaatggata caactattt gattggtacc tgccagaagcc agggcagttt ccacagctcc240  
 10 tgatctttt gggttctaat cgggcctccg gggctctga caggttcaat ggcagtggat300  
 caggcacaga ttttacactg aaaatcagca gagtgaggc tgaggatgtt ggggttatt360  
 actgcacatca agctctacaa actccctctca ctttcggcgg agggaccaag gtggagatca420  
 aacgaactgt ggctgcacca tctgtcttca tcttcccgcc atctgatgatc cagttgaat480  
 ctggaactgc ctctgttgc tgccctgtga ataacttcta tcccgagag gccaaagtac540  
 15 agtggaaagggt ggataacgcc ctccaaatcgg gtaactccca ggagagtgtc acagagcagg600  
 acagcaagga cagcacctac agcctcagca gcacccctgac gctgagcaaa gcagactacg660  
 agaaaacacaa agtctacgac tgccaaatgtt cccatcaggg cctgagctt gcccgttaag720  
 aaaggcctt caacaggggg aagtttttag agggagatg tggcccccacc tt 772

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 1031 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 30 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

55 ggggacggaa gcgcagagca cggacccgc cccactcgccg ccccgctcgat gacgtcgccg 60  
 ggggcgcgg cctccgcggc gcggcgaggc gctctcccg gaggctcagc cccctctgct 120  
 ccccatgggc aactgcccgg caggcacaat cctgcacccgt tgcctggccc accacccacc 180  
 tctgggtctgt gccactttgtt ctcgtctgtc ctttggcctc tctggccctgg gccttggcag 240  
 cttcccttc acccacagga ctggccctgc cagcctgaca tcccccaagga ctgggtctct 300  
 tttttgat cttttggcca gtcgacccgt tgcccaagga atggacatg cacaaggaa 360  
 60 tggcgagggt ctcacgtcgat gggcttgctg accacccgttga acttcggaga cggcccgac 420  
 aggaacaaga cccggacatt ccaggccaca gtcctggaa gtcagatggg attgaaagga 480  
 tcttctgcag gacaactggc ctttatcaca gccagggtga ccacagaaag gactgcaggaa 540  
 acctgcctat attttatgttgc tgcccaagga atccatccctt ccagcccgcc acccatatcc 600  
 tgctcagagg agggggctgg aatgcccacc ctgagcccta gaatgggtga ggaatgtt 660  
 65 agtgtctggc gccatgaagg ctttgcgtc accaagctgc tcacccctggc ggagctggct 720  
 ctgtgtggct ccaggctgtc ggtcttggc tccttctgc ttctttctg tggcccttc 780  
 tgctgtgtca ctgtatgttgc cttccaccccg cgccgggagtt cccactggc tagaaccgg 840  
 ctctgaggc actggccttagt ttccctcagg tgcataatcaa ctctttggc 900

cttggctctg agttggaaaa ggttttagaa aaactgaaga gctggaatgt ggjggaaaat 960  
 aaaaagctt tttgccccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa 1020  
 aaaaaaaaaa a 1031

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 739 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

cggtcgagc cccgctcagt caccgcagc aggctgcag tttccggct ctccgcgg 60  
 cggggaaagg tcagcgccgt aatggcgttc ttggcgtcg gaccctaccc gaccatcag 120  
 caaaagggtgt tgccgctta taagcggcg ctacgcccacc tcgagtcgt gtgcgtccag 180  
 agagacaaat accgataactt tgcttggttt atgagagccc ggtttgaaga acataagaat 240  
 gaaaaggata tggcgaaggc caccagctg ctgaaggagg ccgaggaaga attctggta 300  
 cgtcagccatc cacagccata catctccct gactctcctg gggcaccc tcatacgaga 360  
 tacgatgtct acaagggtccc agaatggtgc ttagatgact ggcacccctc tgagaaggca 420  
 atgtatcctg attactttgc caagagagaa cagtggaga aactgcggag gaaagctgg 480  
 gaacgagagg ttaagcagct gcaggaggg aacgcacccctg gtggccctt aactgaagct 540  
 ttggccctgt cccgaaagga aggtgatttg ccccccactgt ggtggtatat tggaccaga 600  
 ccccgaggc gggccatgt aaaaagagaga gaccatcatct ttcatgcttg caagtggaaat 660  
 atgttacaga acatgcactt gcccataataa aaaatcagtg aaatggaaaa aaaaaaaaaa 720  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 739

45

50

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

30 cggtcgagc ctcagttcac cttctcacca tgaggctccc tgctcagctc ctggggctgc 60  
taatgtctg ggtccctgga tccagtgagg atattgtat gacccagact ccactctccc120  
tgccgtcac ccctggagag cccgcctcca tctctgcag gtctagtca agcccttgg180  
atagtatgtga tggaaacacc tattttggact ggtacactgca gaagccagg cagtctccac240  
agctccctgtat cttatcgctt tcctatcggt cctctggagt cccagacagg ttcatgtggca300  
gtgggtcagg cactgattt acactgaaaa tcacgagggt ggaggctgag gatgttggag360  
tttattactg catgcaacgt atagaattt cttacacttt tgcccgagg accaagctgg420  
agatcaaacg aactgtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgcctatct ggatgagcag480  
ttgaaatctg gaacttgctt ctgttggat gcctgcttga ataactttt attcccagag540  
aggggcaaaag taacagtgga aggttggatt aacccctgc aattcgggta actgcccagg600  
gagtagttt cacagggcag gggcagcaag gacagcacct acagtcttag t 651

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ccgcgtcgac aaatttttt aaagatcatc gatgaagaga gaaaatgcgc ttttctacag 60  
agtcccttc ccacccacag ccccatcccc agataagcg ggagttccct ggcgcgggtgc120  
cagtttctag cgcgtgagtg ggctgtgcg cggctcaag tgcgcctgcg tactgctcac180  
tccccagctc cgcgcctgc tccgttctc cccaaactct gaatcgaaga acttccgga240  
agtttctgag agcccaagacc ggccggcacc cgcctatccc caaccccttc tgtaatccc300  
taccagcctg cagtcctggc tgcttccaag caggaggtgg ggcctctggc ctagcggggc360

cgaaaggcag tgccctccc ccgcagtctg attccatct tcccccaac ggcaagcacg 120  
 aggagccgca ggacgagcat ggctacatct cccggctt cacgoggaaa tacacgctgc 180  
 ccccccgtgt ggaccccacc caagttctt cctccctgtc ccctgagggc acactgaccg 540  
 tggaggcccc catgcccag ctggccacgc agtccaaacga gatcaccatc ccagtccac 600  
 tcgagtcgcg ggcggccagtt gggggccag aagtcgaaa atccgatgag actggcccca 660  
 agtaaagcct tagcccgat gcccacccct gctggccca ctggctgtgc ctccccggcc 720  
 acctgtgtgt tcftttgata catttatctt ctgttttctt caaataaaagt tcaaagcaac 780  
 cacctgtca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 457 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

cataaggaa atgctttctg agagtcatgg atctcatgtg caagaaaatg aagcacctgt 60  
 gtttcttcct cctgctgggt gcccgtccca gatgggtctt gtcccaagctg cagctgcagg 120  
 agtcggcccc aggactgggt aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg 180  
 gtggctccat cagcagtagt agttactact gggctggat ccggccagccc ccagggaaagg 240  
 ggctggagggt gattggggagt atctattata gtgggagcac ctactacaac ccgtccctca 300  
 agagtcgagt caccatatcc gtagacacgt ccaagaagta cttctccctg aagctgagct 360  
 ctgtgaccgc cgccagacacg gctgtgtatt actgtgcgag acatgactgg tattacgata 420  
 ttttgactgg ttatgcgaaa cccggcacag gttcgac 457

45

50

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1203 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

15 gtcggggcg cctgcgcagt cgcttcctt caggcgccgg ccatggcgaa acaggaggat 60  
 .ccgggtgcggc gggagattca ccaggactgg gctaaaccggg agtacattga gataatcacc 120  
 agcagcatca agaaaatcgc agacttttc aactcggtcg atatgttttgc tcgttcaaga 180  
 20 cttgcaacac taaacgagaa attgacagcc cttgaacggg gaatagagta cattgaagct 240  
 cgggtgacaa aaggtgagac actcacccat aacagtggcc tgctgctgt gggaaagggtgc 300  
 tttacacaac acaggccaca tggaaaggc cccagcagcc ttcaagcttcc tcctttctcc 360  
 ttaaagagca acagggttta ttcttttttca aaagtgtggc ctttgggttc 420  
 25 tgccatctgg ggtgtgggt ggtatgtggg aagaagttca gagaaacgt tgaaaacgc 480  
 gtttaggcattt ttacattttca agtaacatcta tatacatcta cttgtcaatg tatttggagac 540  
 attcacagcc aaaagcctgg gactttgtt gaaggtccctc ctcaccccta tcttttttc 600  
 tctcttotctc aaacttttctt taaagtttca attgccttttgc cactgcttct gtgaacagtc 660  
 tttgtctcctt ccccacctt ggtggaaagt gcggggcagt cctggtaaag acactcatgc 720  
 30 cctggcaatg tggtgtccag agaatgttgc tgctaacccca ccagtttctt gttgatttgg 780  
 agaggtcaag gccaggcccc cacttggctt gaaggacat tttcagactt ttctttctgt 840  
 cacttggagt gtctatgcct ctcataatttc cctaataaaac tcctcaactt tttatctgac 900  
 tgctgtgatt atgggtggga gaggagctt agatgggttc acttatttgc cagaaatgt 960  
 atacatggcg ttattatttctt aacataaaac tttcagatgt agctgtttga ttcaaagcct 1020  
 35 aggtgcttac cagcccaagt ccccatgttt ggactttcag ctgacttagt cattttggg 1080  
 atcattttgtt cattcagcac atttaccaag tatttactat gttaggcatttga taaaactccaa 1140  
 taaaacatac agatttgaat cagaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 1200  
 aaa 1203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 207 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

cggtcgagg ccgcctcggtgtc cccaggacag acggccagga tcacctgctc 60  
 tggacatgca ttgccaaagc aatgtatgtttt attggatccca gtcagaggcc agggccaggc120  
 ccctgtgtttt ggtggatccc ttgaaagaaac attggaggag ggcccttcag ggcattccct180  
 ggagacggat tgctctgggc ttccaaac 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 346 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cggtcgaggc gggtcgaggc cggatgggtg ggtgtacgc cccttgggtt ctggggccag 60  
 ggaaccttgg tcaccgtctc ctcagctcc accaaggcc catcggtt ccccccggca120  
 ccctccctca agagcacctc tggggcaca gggccctgg gtcgttgggtt caaggactac180  
 ttcccccaac cggtgacgggt gtcgttggaaatcgttggctt gaccagccgc gtgcacacct240  
 tccggctgtt ctacgttctc aggacttac ttctcagcag cgtggtgacg tgccctccag300  
 cagttggca ccagacctac atctgcaagt gaatcgaagc cagcaa 346

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 926 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

15 cggctctaag gaagcagcac tgggtgggcc tcagccatgg cctggaccgt ttcctctc 60  
 ggcctctct ctcactgcac aggtctgtg acctctatg tgctgactca gccaccctcg 120  
 20 gtgcgtgg ccccaggaca gacggccagg attacctgtg gggaaacaa catttggaaagt 180  
 aaaagtgtgc actggatcca gcagaagcca ggccaggccc ctgtgtgtt cgtctatgtat 240  
 gatagcgacc gggcctcagg gatccctgtg cgattctctg gctccaactc tggaaacacg 300  
 25 gcccacctga ccatcagcag ggtcgaagcc ggggatgagg ccgactatta ctgtcaggtg 360  
 tgggatagta gtatgtatca ttgggtgttc ggccggaggga ccaagctgac cgtcttaggt 420  
 cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg ttcccgccct cctctgagga gcttcaagcc 480  
 30 aacaaggcca cactgggtgt tctcataagt gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc 540  
 tggaaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa 600  
 agcaacaaca agtacgcggc cagcagctat ctgagcctg cgtggagaa gacagtggcc 660  
 cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat gaagggagca cctacagaat gttcataggt tctcaaccct caccccccac 720  
 35 ggatccagg ggagggtct ctccctccac cccaaggcat cacgggagac tagagctgca 780  
 caataaacc ctaataaata ttctcatgt caatcaggaa aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 900  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 926

(35) (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 2384 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(45) (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(50) (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(70) (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

65 gcctcccccc cggccgcctc gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60  
 ctttcgtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggccccc accccagccc 120  
 gccaactagt cagcctgcgc ctggcgcctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180

ctgtggcgcc tctgtctct gctggccctg agccaggccc tgccttta g:ag:agggc 210  
 ttctggact tcacccttggc cgtggggcca ttcatgtga ccgtatggg agctcgccc 300  
 gctgacacct cggcgcttggaccccttgcacac ccacctacag cgccatgtgt 360  
 ccttcggct gccactgcca cctgcgggtt gttcagtgtct ccgacctggg tctgaagtct 420  
 gtgccccaaag agatctcccc tgacaccacg ctgtggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480  
 gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcccctgt cctgtgaac 540  
 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcaagccac tacatctcca 5  
 tacatctcca agaaccaccc ggtggagatc cggcccaacc ctccgcatcc acgacaaccc 600  
 catccgcacag gtggcccaagg aacatgaact gcatcgagat gggcgggaaac 10  
 ccactggaga gccttcgatgcctgaact gcttgcactg ccaactctcg cccaaagacc 660  
 tccctgagac cctgaatgaa ctccacccat atcgaactgg aggacctgct tcgctactcc 720  
 aagatcagga tgatcgagaa cgggagccctg agttcctgc 15  
 ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggctcc ggtggctatc 780  
 tgcaactaca aaaagttagag gcagctgcag ccaccgcggg 840  
 ggaacacago cagacatccct gatggggaggcagagccagg tgcgtccaaac 900  
 ccagcccccc acctcggtc cctgacccca ctctccctgg ctcggcaagg 960  
 tgcaactaca aaaagttagag gcagctgcag ccaccgcggg 1020  
 ggtggcccttgcctg cccacccctggc 15  
 cccacccctggc ggagctccac 1080  
 cagacctcaa gtcctccag 1140  
 tcaacgactt ctgtccatg 1140  
 tcttcaacaa cccctgccc 1200  
 accgcctggc catccagttt 1260  
 gcctcagttgg gggctctgg 1320  
 aagctaagcc agggcccagc 1380  
 gctcgatgcc ccatcaccgc 1440  
 gggccccc acatgtccc 1500  
 cagaggcacc ccatgaagct 1560  
 tttttcgt tcaatccaa accaaagtgt ccaaggcttgc 25  
 tgggtcaca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca 1620  
 cgcacctgtc cagacacaca tggctgttc ctctcctca 1680  
 cctcccccac tctgcggctc ccctcagccc ccttgcagg 1740  
 accccctgtc cactggccct tcgaccagtc ctccctctg 30  
 cctctctctc tctctctctc ttctgtgtg tggctgtgtg 1800  
 tggctgtgtc ttgtgttcc tcagaccttt ctgcctctg 1860  
 ccatctctcc gaacctggct tcgcctgtcc ctttcaactcc 1920  
 ttgagctggg actgtttct gtctgtccgg cctgcacccca 1980  
 agggacagcg gtctcccccag cctgcctgc tcaggccttgc 2040  
 cggaggagggt tgggagggtgg aggcccacga tcccccgcag 2100  
 agtcccacac accggtttc ctagaagccc ctcacccca 2160  
 tctccctta tccttctgtt ccagcgaag gaggggctgc 2220  
 ttccattaa agaaacaccc tgcaacgtga aaaaaaaaaaa 2280  
 2340  
 40  
 2384

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 334 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

10 ctcgagccga attcggtctcg agaggagccc agccctggga ttttcaggtg ttttcatttg 60  
 gtgatcagga ctgaacagag agaactcacc atggagtttggctgagctg gcttttctt120  
 gtggctattt taaaaggtgt ccagtgttag gtgcagctgt tggagtctgg gggaggctt180  
 gtacaggctg ggggtccct gagactctcc tggcagccct ctggattcac ctttagcagc240  
 tatgccatga gctgggtcccg ccaggctcca gggaaaggggc tggagtggtt ctcaggtatt300  
 agtggtagtg gtgtgatagt acacactacg caga 334

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 845 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

50 gcgttccctc cgccgagcta cttctttctt tcctttttt tttttttctg gctaacagaa 60  
 ttttattgtt aaatcacaga aacttttagtg caaaacaaaa atcacgaatg ccatttaata120  
 gcaacttcat gtccctgtgg ctttgctgc tgcctctgg caaccagaag tggacagaag180  
 cgtgggtgcc caagtgggcc acagacagct tccaaaccccc acacccccc atccaatcca240  
 caccaggcag acccttcggc atgcccccctt ctaccaggaa gccagaggcc taggagctcg300  
 ccatccatat ttatggaaa aggtcaaaag gacatctat gagacaaggg aggggtgcag360  
 gctgaagcag cgcctcaaca gccaggaca tggcaac acgagcaggc acagcgcggc420  
 caccactgtc cacacgctca cacaaggccag gcccgcaggc cttccggaga gctagcaggt480  
 tacattcagg cagatggccc tcttcccacc caaaccacaa gaaccccaaa caaggcatca540  
 ccagggaaaga caccggaaag ccaaattcaca gttgaaccag ggacagagaa cccttggccc600  
 cactgtatgtc ccaagccacc agcagctgt tccaaaatcc ctatgttattt acagtggaa660  
 ttacatcatt taaaagctt gattttttcc aggtttctaa tctttcatat aaaactgcct720  
 ttgttttgccttgcactcagaggc ccagcaaaagc gggcagggtc cctgatcagg780  
 gcaggagcc acctcagaag cccatgccc accagtgcacc aagcacatgt cagtgtcag840  
 aacaa 845

## 65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

gttataatgtat	ttgggttaaga	gaacaatgg	aagagagcaa	tctaagaata	60
tatcacctac	ttaattttt	tatgagagta	catggaggta	gctgtgatgt	120
cactgctcct	accacacgca	atttatttca	gtgaacaac	aactggaact	180
cctcccaagag	tacttccaa	tctgggttgg	ccccaaatcc	aactaatgcc	240
cggctgggg	tgcctgcag	tcaacagcca	gtctttcg	ggtctcaactc	300
atctctactc	ttaagagact	caggccaaga	aacgtcttct	aatttccccc	360
cccaatccaa	atggcgtctg	gaagtccaa	gtgcaaggaa	aaaacaggtc	420
ctactaattc	cacacccccc	attgacacag	aaaatgtga	gaatcccaa	480
ttgaagaaca	tgtgagaggt	ttgactagat	gatggatgcc	aatattaaat	540
ttcatgtaca	agatgaagga	gaggcaacat	ccaaatagat	taagacatga	600
tgtggcttga	gaaatatgg	cacttaatac	tacccgtt	ataagaatag	660
tgggattgtg	gaatgggat	tcagtttca	tttggttcat	aaattctata	720
acaggttaata	taaaaagctt	ccatgattct	atttatatgt	acatgagaag	780
gtgttactgt	aattcctcaa	cgtattttt	cgacagca	aatttaatgc	840
tagatgaagt	tttacattgt	tgagctattt	ctgttctt	gggaactgaa	900
tcctgaggct	ttgatttga	cattgcattt	gacccctt	gttagaattt	960
gggcaatgat	gaatgagaat	ctacccccc	atccaaagcat	cctgagcaac	1020
ccatatttgg	tcaaatggta	ggcatttct	atcacctgtt	tccattcaac	1080
cattcatta	gctaaacgg	ttccaaagag	tagaattgca	ttgaccgcga	1140
aatgctttt	atttatttta	tttttttagac	agtctcaact	tgtcgccca	1200
agtggtgcg	tctcagatca	gtgttaccat	tgcctccccc	gctcaagcga	1260
tcagcctcc	aagtagctgg	gattacaggc	acctggccac	atggccggat	1320
attttagtag	agacagggtt	tcacccatgtt	gcccaggctg	ttttcgact	1380
ggtgatccac	ccgcctcgcc	ctcccaaagt	gctggattt	caggctttag	1440
cagccatcaa	aatgctttt	atttctgcat	atgttgaata	ctttttacaa	1500
tgatctgttt	tgaaggcaaa	attgcaaaatc	ttgaaattaa	gaaggcaaaa	1560
gtcaaaacta	taaatcaagt	atttggggaa	tgaagactgg	aagctaattt	1620
cacaaaactt	tatactcttt	ctgtatatac	attttttttt	ttaaaaaaaac	1680
cagaatagcc	acatttagaa	cacttttgt	tatcagtcaa	tattttttaga	1740
ctggcctaa	gcctaaaagt	gggcttgatt	ctgcagtaaa	tcttttacaa	1800
acacataaaac	ctttttaaaa	atagacactc	cccgaaagtct	tttggttcgca	1860
ctgatgttta	gatgttccag	taatctaata	tggccacagt	agtcttgatg	1920
ttttttttcc	tctttagaaa	actacatgg	aacaaacaga	tgcacacagg	1980
tgtgtgtgt	aatgaacact	cttgcatttt	tccagaatgc	tgtacatcta	2040
tatattgtgt	tttgttattt	acgctttgt	tcatagtaac	tttctttagga	2100
attgaacaca	aactgttaat	aaaaagaaat	ggctgaaaga	gcaaaaaaaa	2160
gagagagagaa	aaggggagga	agaggagggg	ggaaagagaa	aggagggcag	2220
aggagggtgg	qqq				2233

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 243 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

45 ggagcc~~c~~agc actagaagtc ggc~~gg~~gtttt ccattcggtg atcagcactg aacacagagg 60  
actcaccatg gagtttgggc tgagctgggt tttcctcg~~t~~ gctctttaa gaggtgtccal20  
gtgtcagg~~t~~g cactgg~~t~~gga g~~c~~ggggagcq ggtcagcagg agtcctgaat cctgtgacgc180  
tgatc~~at~~gtcc tatatcagat ggcgcagctc agcagggtga tgggtatga atgataacat240  
aca 243

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

gtttttttttt tttttttttt aagagagcag attctcttta ttgagatacg ggacacagcg 60  
 aagggtggag agacggaaca gccccccagc ctcagccctc tccacggggg ccggatgcca 120  
 gagatggggag aagggttcg agtctctcgcc cggaaaccc agtcccacag agggcgcgg 180  
 caagggtggg acgcgacctg ggtgacacgg tgaggagttttaatag aggagggct 240  
 ggagcgggaa aacgcgcggg gcccctagcg caccatgtat tccttgcgttattgagccg 300  
 aacttggcag aaagagaagc ctccgaggag gaggtaaagg cctgcagcga taaaacagt 360  
 gtagctact tgcgttaaa gttgtatat gttctggggg ccattctcaa aatcttctc 420  
 cgtgaaggga acgtcctcaa tcaacacagc ggaatggaca ttgaaaaata ttccgagcat 480  
 tatcaacatg atcaactcccc aggcgcgtgag gacgatgccc caggcggcca gcttcggccc 540  
 acagcacagg agcgacgcca taaagaaggg agtcggggat cgccgaggtg caagcgggct 600  
 cggaaagcgg tgggagaaag cccaggatgc cctcgcaggg gggcagaggg ggctgtggccc 660  
 cggcctcaac catcccatcc gggggcggca ggccggaaaag gctggctcc tctcaggact 720  
 ttcgcgggag acggcgccgt ctgaaaccaa aactgctcct gggaaacct tcottgacct 780  
 ctgtagctag ggcgtgagta ttgaaagagc gaggccc 817  
 20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1644 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

55

gttccggctc acatggaaa tacttctga ggtcctgga ctcctgtgc aagaacatga 60  
 aacacctgtg gtctccctc ctgctgtgg cagctccag atgggtctg tcccaagggtc 120  
 agtgcagga gtcgggcca ggactgtga agccttcaca gaccctgtcc ttcacctgca 180  
 ctgtctctgg tggctccatc agcagttgtg gtactactg gagtgcgtc cgccagcacc 240  
 cagggaaaggg cttggagtttgg attgggtaca tctattacag tgggagcacc tactacaacc 300  
 cgtccctcaa gagtcgaggatt accatatacg tagacacgtc taagaaccag ttctccctga 360  
 agtgcagtc tttgtactgccc gggacacgg ccgtgttata ctgtgcgaga gagcatctc 420  
 cttacgggtga ctcgagatac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa gggacccgg 480  
 caccgtctcc tcagcatccc cgaccagccc caaggtcttc ccgctgagcc tctgcagcac 540  
 ccagccagat ggaacgtgg tcatcgctg cttggtccag ggcttcttcc cccaggagcc 600  
 actcagtgtg acctggagcg aaaggacacgg ggcgtgaccg ccagaaactt cccacccagc 660  
 caggtgcct cgggggaccc gtacaccacg accagccacg tgaccctgccc ggccacacag 720  
 tgcctagccg gcaagtccgt gacatgccac gtgaaggact acacgaatcc cagccaggat 780  
 gtgactgtgc cttgtccact tccctcaact ccacctaccc catctccctc aactccacct 840  
 accccatctc cttcatgtc ccaccccgaa ctgtcactgc accgaccggc cttcgaggac 900  
 65

5 ctgctcttag gtcagaagc gaacctcacg tgcacactga ccygectgag agatgcctca 960  
 ggtgtcacct tcacctggac gcccctaagt gggaaagagcg ctgtcaagg accacctgag1020  
 cgtgacctct gtggctgcta cagcgtgtcc agtgtctgc cgggctgtgc cgagccatgg1080  
 aaccatggga agacccatcac ttgcactgtc gcctaccccg agtccaagac cccgctaacc1140  
 gcccacccctct caaaaatccgg aaacacatc cggcccgagg tccacctgtc gcccggccg1200  
 tcggaggagc tgccctgaa cgagctgggt acgctgacgt gcctggcacg cggcttcagc1260  
 10 cccaaaggacg tgcgtgtcg ctggctgcag gggtcacagg agtgcggcc cgagaagtac1320  
 ctgacttggg catcccgca ggagcccgac caggcacca ccaccttcgc tgtgaccagc1380  
 atactgcgcg tggcagccga ggactggaa aagggggaca ctttctctg catgtggc1440  
 cacgaggccc tgccgctggc cttcacacag aagaccatcg accgcttggc gggtaaacc1500  
 acccatgtca atgtgtctgt tgcgtggcg gaggtggacg gcacctgcta ctgagccg1560  
 cgcctgtccc caccctgaa taaactccat gctccccc1620 gcaaaaaaaaaaaaaaaa1620  
 15 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1644

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 30 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 (iv) ANTI-SENSE: NEIN  
 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 40 (C) ORGAN:  
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

50 atttatctgg gacagacatc ttcagaatga cacatgccaa acagtggttc ttataaaatc 60  
 aaaggttcag atattatcg attcagaat agtgatgct tttgtatcta ttttcttc 120  
 tttaaacaga aaaagacaaa tgaatgggg aagacaatca ttgaatacaa aacaataag 180  
 ccatcacgccc tgcccttctc tgatattgca ctttggaca tcgggtggc tgaccaggaa 240  
 ttctttgtgg acattggccc agtctgttc aaataaatga actcaatcta aattaaaaaa 300  
 55 gaaagaaatt tggaaaaact ttctctttgc catttcttc ttttctttt taactgaaag 360  
 ctgaatccctt ccatttcttc tgcacatcta cttgtctaaa ttgtggccaa aagagaaaaa 420  
 gaaggattga tcagagcattt gtgcaataca gtttctttaa ctcctcccc cgctcccc 480  
 aaaatttggaa ttttttttcc aacactcttta cacctgttat gggaaatgtc aacctttgt 540  
 agaaaaaccaa aataaaaaatt gaaaataaa aaccataaac atttgcacca cttgtggctt 600  
 60 ttgaatatcttccacagagg gaagttttaa acccaaactt cccaaagggtt aaactacctc 660  
 aaaacactt cccatgatgt tgatccacat ttttaggtgc tgacccatgac agagatgaac 720  
 tgaggtccctt gttttttttt gttcataata caaaatgtc attaaatagt atttgcata 780  
 cttgaagaat gttgatggtg cttagaagaat ttgagaagaa atactcctgt attgagttgt 840  
 atcgtgttgtt gtattttttta aaaaatttga tttagcattt atatttcca ttttattttcc 900  
 65 aattaaatgtt atgcagatca ttggcccaaa ttttcttcattt attcagcatt ttttcttc 960  
 cagtcttcattt ttcatcttc tccatggttc cacagaagct ttgtttcttggc ggcaagcaga1020  
 aaaaattaaatgtt ttttgcataatgtt gagatgttta aataaaatgtt gaaaaaaatgt 1080  
 aaataaaagca tttttttttt tccaaaagaa aaaaaaaaaa aaaaatgtc acc 1133

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 969 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

gaggaggagg gtgtatctcc tttcgctcga ccgccccttg gcttctgcac tggatgggtggg 60
tggatgagta atgcatccag gaagcctcga ggctctgtgt ttccgcaccc gctgccaccc120
ccgccccttag cgtggacatt tatcctcttag cgctcaggcc ctggcccat cggccgagat180
ccagccccca gagagacacc agagaaccca ccatggcccc ctttgagggc ctggcttctg240
gcatccctgtt gttgctgtgg ctgatagccc ccagcagggc ctgcacctgt gtcccacccc300
accacacagac ggccctctgc aattccgacc tcgtcatcag ggccaagttc gtggggacac360
cagaagtcaa ccagaccacc ttataccagg gttatgagat caagatgacc aagatgtata420
aagggttcca agccttaggg gatgccgctg acatccgggt cgtctacacc cccgccatgg480
agagtgtctg cggatacttc cacaggccc acaaccggcag cgaggagtt ctcatgtctg540
gaaaactgca ggatggactc ttgcacatca ctacctgcag tttcgttgct cccttggaaaca600
gcctgagctt agtcagcgc cggggcttca ccaagaccta cactgttggc tggatggaaat660
gcacagtgtt tccctgttta tccatccccct gcaactgcg gatgtggact cattgtttgt720
ggacggacca gctctccaa ggctctgaaa agggcttcca gtcccgtcac cttgcctgccc780
tgcctcggga gccaggggctg tgcacctggc agtccctgcg gtcccagata gcctgaatcc840
tgcccggagt ggaagctgaa gcctgcacag tggatggactt gttccacact ccatctttct900
tccggacaat gaaataaaaga gttaccaccc agaaaaaaaaaaaaaaa acaagtgcgtc960
gcgtgctgt 969

```

35

40

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

20 cctacaccta ccctcccttt gggtttctat tcggaccgcg atgatttgct ttggaaggct 60  
 taacccctt cttccccaaa cttgcccccg gagaacccccc agccttacga ccctcctcct120  
 gaagatcaa aaccagcttgc cggccgcgc tcttccag gacatcaaga agccagctga180  
 agatgagtgg ggtaaaaccc cagacgcctt gaaagctgcc atggccctgg agaaaaagct240  
 25 gaaccaggc ctttggatc ttcatgcctt gggctctgcc cgacacggacc cccatctctg300  
 tgacttcctg gagactcaact tccttagatga ggaagtgaag cttatcaaga agatgggtga360  
 ccacctgacc aacctccaca ggctgggtgg cccggaggct gggctgggcg agtatctctt420  
 cgaaaggctc actctcaagc acgactaaga gcctctgag cccagcgtact tctgaaggc480  
 cccttgc当地 gtaataggc ttctgc当地 gcctctccct ccagccaata ggcagctttc540  
 ttaactatcc taacaagcct tggaccaaata ggaataaaag ctttttgatg caaaaaaaaa600  
 30 ggagggggga aaaaagc 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 704 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

65 gggagactc gtcaccaggc gtgcagtggg cactgctggg ctccccatc ccgtccta 60  
 cccgaacagc cccggcgagg aggcgtgaa agtcgaggg gtaaaccgcg aatgtgcgtt120  
 gtgtaaagca cggcgcgagg tggggcgccg gcgggactt ggcggggcggg gtgggcttgg180  
 ccgagctggc ctccggggca cggaccgcta taaggccagt cggactgcga cacagccat240  
 cccctcgacc gctcgctcg catttggccg cctccctacc gctccaagcc cagccctcag300  
 ccatggcatg cccctggat caggccattt gcctcctcgt ggcctatcttc cacaagtact360

ccggcaggg a ggtgacaag cacaccctga gcaagaagg gctgaaagg ctgatccaga420  
 aggagctcac cattggctcg aagctgcagg atgctgaaat tgcaaggctg atggaagact480  
 tggaccggaa caaggaccag gaggtgaact tccaggagta tgtcacctc ctgggggcct540  
 tggcttgat ctacaatgaa gccctcaagg gctgaaaata aatagggaaat atggagacac600  
 cctctgggg tcctctctga gtcaaattca gtggtgggta attgtacaat aaatttttt660  
 tggtcaaatt taaaaaaaaaaa aaaaaaagag aaaaaagggt gacg 704

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

10

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

30

PCSSQFHPVE NRSQEPLAGD SMSPRTLVPQ NMNNAMFLQK TLSLSFIGGN HQTAAECRTL60  
 SRTTDLSPSH SPYHHKSHNK KEKRYFGFKK SKKIM 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

35

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 52:

55

LPRDTWFKLK CLTDHSRHVL HSYVNVSHTL WVHCLQTEHR LPLAWFENRN RAMPTDPSYV60  
 WASKWNCTFI QIFTCL 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

60

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:  
25 RVNNCQEQLV VLKYNPQPRI PPVLQMDQLK QANTEDETKNE VRFIETRVTP LDELNTKMTL60  
TLSRYRSSET CLQNEIPEEF CSYPEIRGSN 90

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

35 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:  
PLQPPRAMAP RGCIVAVFAI FCISRLLCMH GAPVAPMTPY LMLCQPHKRC GDKFYDPLQH 60  
CCYDDAVVPL ARTQTCGNCT FRVCFEQCCP WTEMVKLINQ NCDARTSDD RLCRSVS 117

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

65 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

70 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

75 (iii) HYPOTHETISCH: ja

80 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

85 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:  
RVPQPALGWC RVDVGHRGHQ EGSESLGPHQ HTHLMLSRIL EGDLWASSGQ RQGGPQTGHR 60  
MKWAVECVFL WPPNSHSASQ ISGNTSLFLQ AHPGRRIQES SFP 103

90 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 56:

20

RCSFHTSGSW PRARRHHHSN SAAGGRRTCP HISCVAGTAS GKESWGPLGL RVSRGAWR60  
KWQRQLRCSDL GEPWLWVAV E 81

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:**

25

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 57:

45

RAARADSARA FPLPACKVVV PQGPPPGHVG AAGQAFPSFE RGFRCRSRAS GLRSSLPSFR 60  
SVVASPPPTH QSRCILGRAL GAMAPRGRKR KAEAAVVAVA EKREKLANGG EGMEEATVVI120  
EHCTS 125

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:**

50

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

60

- (vi) HERKUNFT:

65

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 58:

5 QRSPPPFPPR RSPASLASRL RRPPRPQPYA SSRGEPPWRLE PGRECSGTGG WGAETRPLSG 60  
NWATKSAARK LCSYSGNLSQ RKGKLGQHP RGLEADLGAQ PLCKQGAGRL EPNRLERLE 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 59:

30 TROLVQCSIT TVASSIPSPP FASFSRFSAT ATTAASALRF LPRGAMAPRA RPRMORDWWV 60  
GGGDATTERK LGNEERSPEA LLLQRKPLSK EGKAWPAAPT WPGGGPWGTT TLQAGSGKARI20  
AESARAAR 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 60:

55 VTVMQFNFEL SFKYVLYSSY SWLKLDHTIA DCMVFTWTPC RMLDYLYSSY ANMLWAGEMK 60  
SSSHQDLLFK WLWNWATKEL ELHLLGFELF WNTLLHFGKS KSSASGALSI ENLPSFALKD120  
VLFFIYT 127

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

65 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 61:

SIGPICSQGL GPGGIPSPIT LIKNGCNCKN PCIYLQLCS HLQMYLLMLS CQVPMQRWRG 60  
LPLCGWGLWV VVKDRYQKNA FKCTNLLINI RCLLKKKKKK KKRVGGVGCI G 111

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

20

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 62:

YRSFTTHKP HPHKGSPRHL CIGTWQLSIR RYICKWEHSC KYIRQGFLQL QPFLIKVIGE60  
GIPPGPRP 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

45

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

LVQPGGSCSG GRLLGVEFPS APRVRPFERS APAPATSLLG AMTTTTFKG VDPNSRNSSR 60  
VLRPPGGGSN FSLGFDEPTE QPVRKNKMAS NIFGTPEENQ ASWAKSAGAK SSGGREDLES120  
SGLQRRNSSE ASSGDFLDLK GEGDIHENVD TDLPGLGQS EEKPVPAAPV PSPVAPAPVP180

65

SRRNPPGGKS SLVLG

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

VSQSFPNSLL LENTHAMAH RPKSOGORETC SSKEKKKROQ YIKCFFLMKQ IQEMYSOAQV 60  
VQFTSMEETD RTTAFRTVRA NPPRGWTCRQ GDFFWMALGP GPPGWAQAAQQ ARASLHSAPG120  
CLASLCPHFH EYHLLPSDLR SLRSLLQRSS FSAVQMTPSL PCHH 164

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

FQAVSLYIQA FLCVRAKALL ISQPVLLLSG YFLRLKNKROQ FLCFAGGKAG GAGLFIVHMS 60  
QEEALSKGHW QVRATPRLLC GETPCGLGPG RNGACGLFMV CPVEAW 106

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

75 (A) LÄNGE: 349 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

80 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

85 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

AALRS DAGMK RALGRRKGWV LRLRKILFCV LGLYIAIPFL IKLCPGIQAK LIFLFNVRVP 60  
 YFIDLKKPQD QGLNHTCNYY LQPEEDVTIG VVHTVPAVWW KNAQGKDQMW YEDALASSHP120  
 IILYLHGNAG TRGGDHRVEL YKVLSSLGYH VVTFDYRGWG DSVGTPSERG MTYDALHVFD180  
 WIKARSGDNP VYIWGHSLGT GVATNLVRL CERETPPDAL ILESPTNIR EEAKSHPFSV240  
 IYRYFPGFDW FFLDPITSSG IKFANDENVK HISCPPLLH AEDDPVVPFQ LGRKLYSIAA300  
 PARSRDFKV QFVPFHSDLG YRHKYIYKSP ELPRLREFL GKSEPEHQH 349

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

SGLSRLGPGR NQHAGQDVLC EVAAALHQVL KELLGQGIDY EKILKLTADA KFESGDVKAT 60  
 VAVLFSILSS AAKHSDGES LSSELQQLGL PKEHAASLCR CYEEKQSPLQ KHLRVCSLRM120  
 NRLAGVGWRV DYTLLSSLLQ SVEEPMVHLR LEVAAAPGTP AQPVAMSLA DKFQVLLAEL180  
 KQAQTLMSSL G 191

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

45

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

65

FFFFFFF FFFFSLLYFC LFFLLMKTAN NCLSREGKVM LGKVLRSPPEP SSQERSEAAG 60  
 DLGGQSPGQG LSILEPGLPP EEQFRGRDSI RAGRLHTGLE HPSPQP RELI RVWACFSSAR120

RTWNLSAERD MATGWAGVPG AAATSSRRCT MGSSTDSCRL ELRV

164

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

10 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

NQGCLPKSSS EGVTPYGQGG STQAWNTLLL SPGSSSGSGP ASVLPGGPGT CLLRGTWQQA 60  
GLGSLGQLPP PAAGAPWALP RIAAGWSSGC SPPASPHLPT YSCVGCRPAS ASARGFASPH120  
NSGTGWPRAL WAAPAAAVHW TRIRHRHCAW PHWRG 155

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

35 (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

RRAAVTWVWL GVLCFESAVF TPTEVVRTCR LLRES

35

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

60 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:  
 KRLTQNTTPP TRPKSQLHVF KTSFKVSYFS TS 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72: 10

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:  
 ENRSNLHVLT TSVGVKTADS KHNTPNQTQV TAARLQN 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73: 35

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:  
 LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60  
 PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELLL120  
 V 121

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

15 QACPWASLAQ QRTRLRRKL DTPVHGLGL EGWLGSLEVP GGLPAGTRPS AAGWAVPCCC 60  
CPQGLAVVAE DGTLSGWIRS PGSSSRELR HKAGARLYTC RTQESLLQFL PEAPR 115

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

30 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

45 RWHLIRLDQV TROQOLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAETIASSV SLQQEQNQLW 60  
PRWVGGSNFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS 117

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

60 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

70 (iii) HYPOTHETISCH: ja

75 (vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

80 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

75 PPQERRTIFV LYPRGSGREN MESGFYRLIG PIHKGHWEK VWEQKENWDF RVQYAHPKLL60  
VAWGMS 66

85 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

20

ALSTRAMTGK RYGSRRRIGI LGCSTLTLNF WWPAGACLEAQ TVKQALLAACL LVTTSAAPAVL 60  
RLHPAPGTTPP APEPPLSPCD G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

25

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

TLLTIHIWTR DTVHEVHPSQ GDSGGSGAGG VPGAGWSLKT AGAEVVTSKQ ASRACLTVWA 60  
SRHAPGHQKF RVSVLHPKIP ILLLPYLFV VMALVDRAYQ SIES 104

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

PSSPRAVRHS GHQDSKMASV VPVKDKLLE VKLGELPSWI LMRDFSPSGI FGAFQRGYYR 60  
YYNKYINVKK GSISGITMVL ACYVLFSYSF SYKHLKHERL RKYH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

10 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

RRGASRGLPW CWHATCSLAT PFPTSISSSTS GSANTTEEDT LCTPPPHDLG PSPSVRNTIS60  
30 IVAESFHILIGINLQIKHDW YV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

35 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

KDSATIEIVF LTEGLGPRSW GGGVQSVSSS VVFAEPLVLE MLVGKGVAKE HVACQHHGNP 60  
RDAPLLHIDV LVVVPVVTSL KRSENATRTE VPHQDPAWQL PQFDLQKFLV LHWYN 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

60 (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

ARAARGARRT SRAVTPTCAT PAGPMPCSRL PPSLRCSSLHS ACCSGDPASY RLWGAPLQPT 60  
 LGVVPQASVP LLTDLQAQWEP VLVPEAHPNA SLTMYVCTPV PHPDPPMALS RTPTRQISSS120  
 DTDPPADGPS NPLCCCFHGP AFSTLNPVLR HLPQEAQPA HPIYDLSQVW SVVSPAPSRG180  
 QALRRAQ 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

FFFFGLSNRC LLRAYAVLRL PFREPHECEA WPLPPGLQAP SLETPRNSRR LLSSSSSTQST 60  
 SSQPLLGPP E CLSPAGCGGH HGPDLAQVID GVGREGFLGE EVPEHRVKGG ECWAMETAAE120  
 RVGGAICRRI CVTRADLPGG SPGEGHGRVR VGHRGADIHG QTCVRMCLRN QDRLPLGQVC180  
 EEWHRGLGHH TQCGLQRGPP EPIAGRVPRA AGRVQGAAQG WRQPAAGHGP RWRCTSCHS240  
 T 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

MGWAGKASWG KRCLSTGLRV ENAGPWKQQQ RGLEGPSACG SVSLELICRV GVLERÄMGGS 60  
 GWGTGVQTYM VRLALGCASG TRTGSHWARS VRSGTEAWGT TPSVGOSGAP QSL 113

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

AFLSFLFSER FKASTTLFPP SLLNLICTKS FALVGVVETA LSLSTSVREC EPPWQVPVQG 60  
 PAALHLGRVT GAPAVCPKAS PWPFGSLGR FRTEHQGRQA FQGISIN 107

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

LRNRLWKVKL EEPDLISPTS KTPSEQQRPO HPPRTGDSIF MATPCGGRLT TSHIIPELS 60  
 SSSGMMTPSPP PPSSSFSSFC LFVSELSCLS FFLRDSKPPR LCFPRPF 107

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

60 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

IQKGRGKQSR GGFESLRKKE RQESSETKRQ KDEKEEEGGG GDGVIPLEEL SSGMMWWLVV 60  
NRPPQGVAMK MESPVRRGCC GRCCSDGVFD VGLMRSGSSS FTFQSRFLSQ VVQWL 115

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

CSVRNLPLRL PKGQGEAFGH TAGAPVTRPR WRAAGPCTGT CQGGSHSRTL VLRLKAVSTT 60  
PTSANDLVQI KFRRDGGRV VEALNLSEKR KDRKAQKQRD RRMKKKKREV VGTASSRWRSL20  
SALG 124

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

40

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

60

EGAGGEWRCP AAGGPRGEDG PPGLRLTERA GLTTRHLTGT ADPSQKHNL DPSSSKDERI 60  
QQTQPNREGA CSLNLHGLRY LCKPGVAPVL RVILRSCLFP NGFTSGSCRF SLGLSLILKW120  
VAGGRGWLRL LLALRLQSWE QDTSPEFHFF SCPNHAHTIV QNQSTFEKWL HGHPPGPRKL180  
HSKGGLFTWQQ NPSPAVSP 198

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

5 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

LPPVEPPVVK GCSRKDMHRN EERERSENEV WRARPGPTAQ GSSPPPDAPF HPPPQCLLSP 60  
KAPASEVLGA HPPQCGQGGK GQVLDTAKCP EMTLLLTHFF GPWQSPTCPQ HGAPGRTGRQ120  
EGGW 124

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

30 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

NSGEVSCSQL CSLRASRGRS HPLPPATHFK MRLRPRLKQ LPEVNPFGKR HERRMTLRTG 60  
ATPGLHKYRR PWRLRLQAPS LLGCVCCILS SLELLGSLRL CFWDGSAVPV RCLVVRPALS120  
VSLSPGGPSS PLGPPAAGHL HSPPAPS 147

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

SREAPESRRW AVWRSLESLP RHQLLCLPVG APPAPAMLSA LARPASAALR RSFSTSAQNN 60  
 AKVAVLGASG GIGQPLSLLL KNSPLVSRLT LYDIAHTPGV AADLSHIETK AAVKGYLGPE120  
 QLPDCLKGCD VVVIIPAGVPR KPGMTRDDLF NTNATIVATL TAACAQHCPE AMICVIANPV180  
 NSTIPITAEV FKKGHGKVYNPN KIFGVTTLDI VRANTFVAEL KGLDPARVNV PVIIGGHAGKT240  
 IIPLISQCTP KVDFPQDQLT ALTGRQEAG TEVVKAKAGA GSATLSMAYA GARFVFSLVD300  
 AMNGKEGVVE CSFVKSQETE CTYFSTPLLL GKKGIEKNLG IGKVSSFEEK MISDAIPELK360  
 ASIKKGEDFV KTLK 374

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

LNEGTFHNTF LSIHCIHKG EKAGAGIRHG EGGRACSGFS LDHLRAGLLD PPSECCQLVL 60  
 GKVHLGGALR DQGDDGLPSM ATNDRDVDSL WIQTLQLCNK GVGSDDVQGR HAEDFVGVVH120  
 SMLLENFCCD GDGGINRIGN DADHGFRAVL GTGSGQGGHN RGIGVEQVVP GHAWLSDSS180  
 RNNYHITTFQ AVRQLFRSEV AFHSGFGLDV AQICGHSGCV RDIIEGQAAH QGAVLQEK 238

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

60

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

EAGEEKAEAE GVAAEEGVNK FSYPPSHREC CPAVEEEDDE EAVKKEAHRT STSALSPGSK 60  
 PSTWVSCPGE EENQATEDKR TERSKGARKT SVSPRSSGSD PRSWEYRSGE ASEEEKEEKAH120  
 KETGKGEAAP GPOSSAPAQR PQLKSWWCQP SDEEEGEVKA LGAAEKDGEA ECPPCIPPPS180  
 AFLKAWVYWP GEDTEEEDE EEEDEDSDSGS DEEEGEAEAS SSTPATGVFL KSWVYQPGED240  
 TQ 242

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

5 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

RPGCIGQERT LDSEDKEEDDS EAALGEAESD PHPSPHDQRA HFRGWGYRPG KETEEEEAAE 60  
DWGEAEPCPF RVAIYVPGEK PPPPWAPPRL PLRLQRRLLKR PETPTHDPDP ETPLKARKVR120  
FSEKVTVHFL AVWAGPAQAA RQGPWEQLAR DRSRFARRIT QAQEELSPCL TPAARARAWA180  
RLRNPLAPI PALQTQLPSS SVPSSPVQTT PLSQLAVATPS RSSAAAAAAL DLSGRRG 237

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

35 (A) LÄNGE: 890 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

QDEHLITFFV PVFEPLPPQY FIRVVSDRWL SCETQLPVSE RHLILPEKYP PPTELLDDQ 60  
LPVSAALRNSA FESLYQDKFP FFnPIQTOVF NTVYNSDDNV FVGAPTGSGK TICAEFAILR120  
MILQSSEGRG VYITPMEALA EQVYMDWYEK FQDRLNKKVV LLTGETSTD KLLGKGNIII180  
STPEKWDILS RRWQKRKVNQ NINLFVVDEV HLLGGENGP LEVICSRMRY ISSQIERPIR240  
55 IVALSSLSN AKDVAHWLGC SATSTFNFP NVRPVPLEH IQGFNISHTQ TRLLSMAPV300  
YHAITKHSRK KPVIVFVPSR KQTRLTAIDI LTTCAADIQR QRFLHCTEKD LIPYLEKLSD360  
STLKETLLNG VGYLHEGLSP MERRLVEQLF SSGAIQVVA SRSLCWGMNV AAHLVIIMDT420  
QYYNGKIHAY VDPIYDVLQ MVGHANRPLQ DDEGRCVIMC QGSKKDFFKK FLYEPLPVES480  
60 HLDHCMHDHF NAEIVTKTIE NKQDAVDYLT WFLYRRMTO NPNNYYNLQGI SHRHLSDHLS540  
ELVEQTLSDL EQSKCISIED EMDVAPLNLG MIAAYYYINY TTIELFSMSL NAKTKVRGLI600  
EIISNAAEYE NIPIRHHEDN LLRQLAQKVP HKLNNPKFD PHVKTNLLQ AHLSRMQLSA660  
ELQSDTTEEIL SKAIRLIQAC VDVLSSNGWL SPALAAMELA QMVTQAMWSK DSYLKQLPHF720  
65 TSEHIKRCTD KGVESVFDIM EMEDEERNAL LQLTDSQIAD VARFCNRYPN IELSYEVVDK780  
DSIRSGGPVV VLVQLEREEE VTGPVIAPLF POKREEGWWV VIGDAKSNSL ISIKRLLTQQ840  
KAKVKLDFVA PATGAHNYTL YFMSDAYMGC DQEYKFSVDV KEAETDSDSD 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

20

GDGSAEHGPR PLAAPLVTSR GAPASARPRG ALPGGSAPSA PHGQLPGRQ PAPVSGPPPT 60  
 SGLCHFDPAW PWPLWPGPWQ LPPHPQDWPA QPDIPQDWVS FLRSFGQLTL CPRNGTVGK120  
 WRGSHVVGLL TTLNFGDGPW RNKTRTFQAT VLGSQMGLKG SSAGQLVLIT ARVTERTAG180  
 TCPLYFSAVPG ILPSSQPPIS CSEEGAGNAT LSPRMGEECV SVWSHEGLVL TKLLTSEELA240  
 LCGSRLVLG SFLLLFCGLL CCVTAMCFHP RRESHWSRTR L 281

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

30

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

50

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAVMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60  
 RDKYRYFACL MRARFEHHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120  
 YDCYKVPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180  
 LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

APFWDLVAIV SLIGGAPRRV REDVWLWMLT VPEFFLGLLQ QLGGGLRHILF ILMFFKPGSH60  
QTSKVSVFVS LDAPRLEVA 79

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

50 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

70 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

VGGACAVALP QAAAMAGQED PVQREIHQDW ANREYIEIIT SSIKKIADFL NSFDMSCRSR60  
LATLNEKLTA LERRIEYIEA RVTKGELTLT 89

75 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

80 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

NSAVLLLGSC FTQHRPHGKG PSSLQLLPFS LKSNRAYSCF SFFKSVAFGL CHLGCGVVCG60  
 KKFRGTVGND VRHFTFSVTY YTSTCQCI 88

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

HFHLLNVNF EFTTAKSLGL FVKVLLTSIF LSLSLKLSLK FSLPLHCFCE QSLSPPHLWW60  
 EVRGSPGQDT HALAMWLPEV VVANPPVSC 89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

50

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

REQILFIEIR DTAKGGETEQ PPSLSP LHGG RMP EMGEGIQ SLARET QSHR GRR QGW DATW 60  
5 VTR CRES LNR GGAGAG Krag ALAH HVFL AL IEPN LAERA EA SEE EVKAC SD ETV VAD LLV K120  
VVYVLGAILK IFL REGN VLN QHSGMDIE KY SEHY QHDH SP GAEDDA AGG Q LRPTA QERR H180  
KEGS RGSPRC KRARKA VGES PGCP RRG AEG AWPRP QPSHP GAAGGKG WAP LRTFAGD GAV240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

RLYMF WGPFS KSF SVKG TSS INTAEW TLKN IPSI INMITP QAL RTMP QAA SFG P QHRS DA 60  
IKKG VGD RRG ASGL GKR WEK AQD A LAGG QR GRG PGL NHPI RGR QAE KAGL LSGL SRET AP120  
35 SETKT A PGET FLD LCS 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

LORS RKVSPG AVL VSDG AVS, RESPERSPAF SACR PRMG WL RPG PRL CPP ARAS WA FSHR 60  
60 FPSPLAPRRS PTPFFMAS LL CCGPKLAACG IVLS A GVGIM LIMLG IFF NV HSAVLIED VP120  
FTEKDFENG P QNIY NLYEQV SYNC FIAAGL YLLGGFSFC QVRLNKRKEY MVR 173

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.

# DE 198 18 619 A 1

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder  
c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon. 5

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 10

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist. 15

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist. 20

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz. 25

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wobei die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 30

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10. 35

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden. 40

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist. 45

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 51–106.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 50

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 51–106, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 in sense oder antisense Form. 55

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. 60

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 51–106.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 65

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

# DE 198 18 619 A 1

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

5

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten- bank

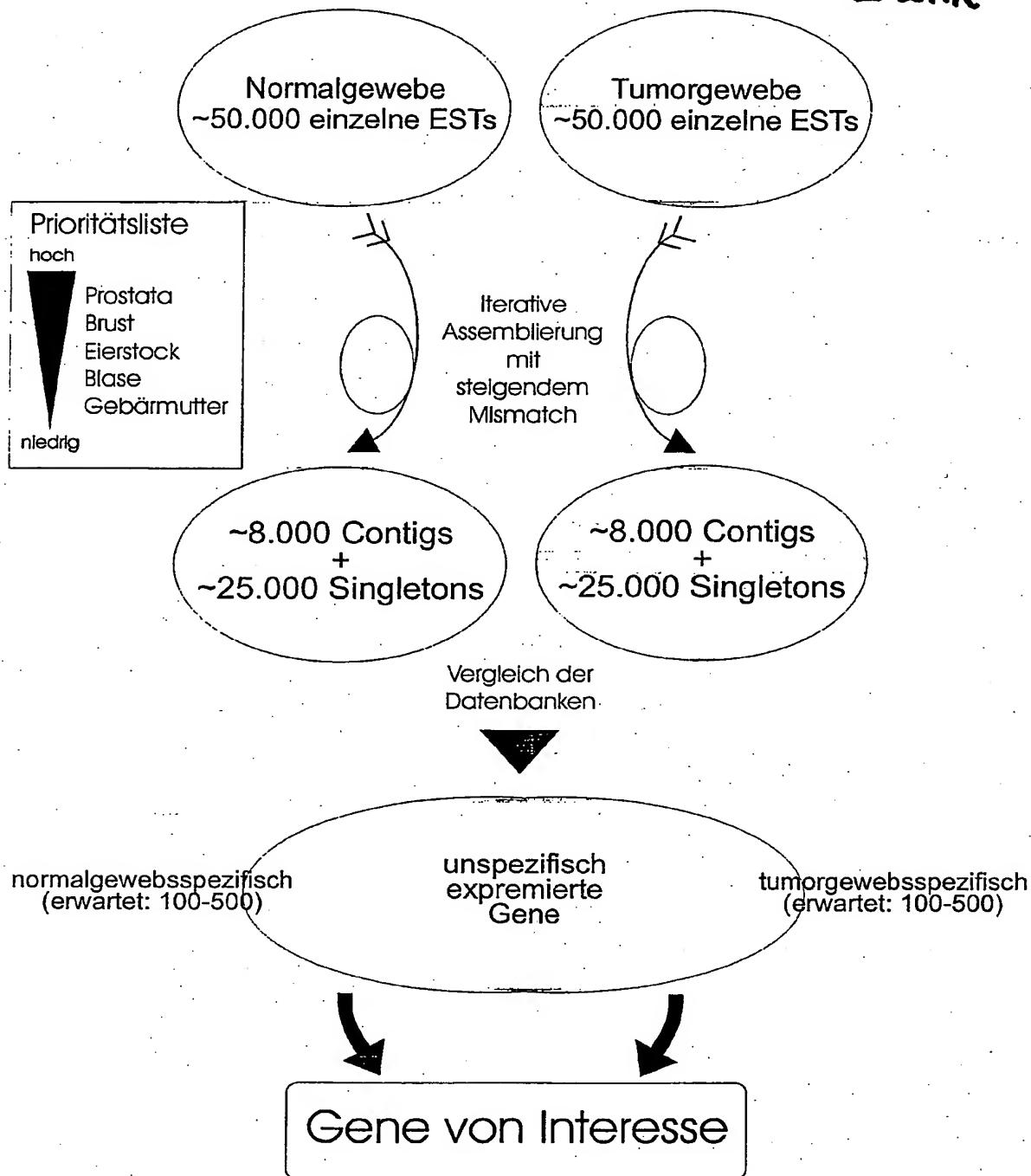


Fig. 1

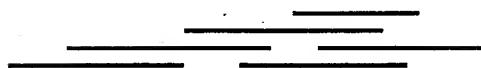
## Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)

Contigs



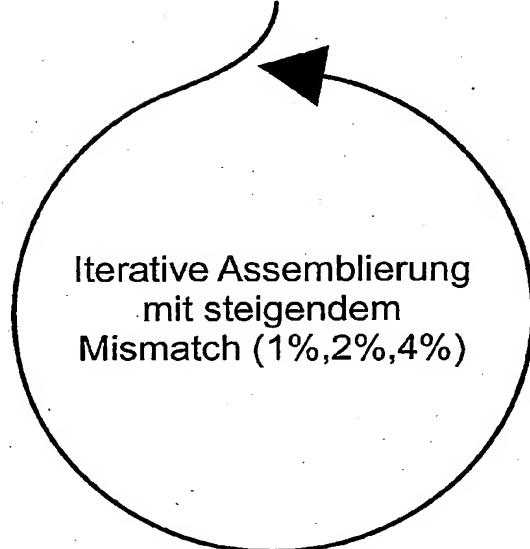
Singletons



In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

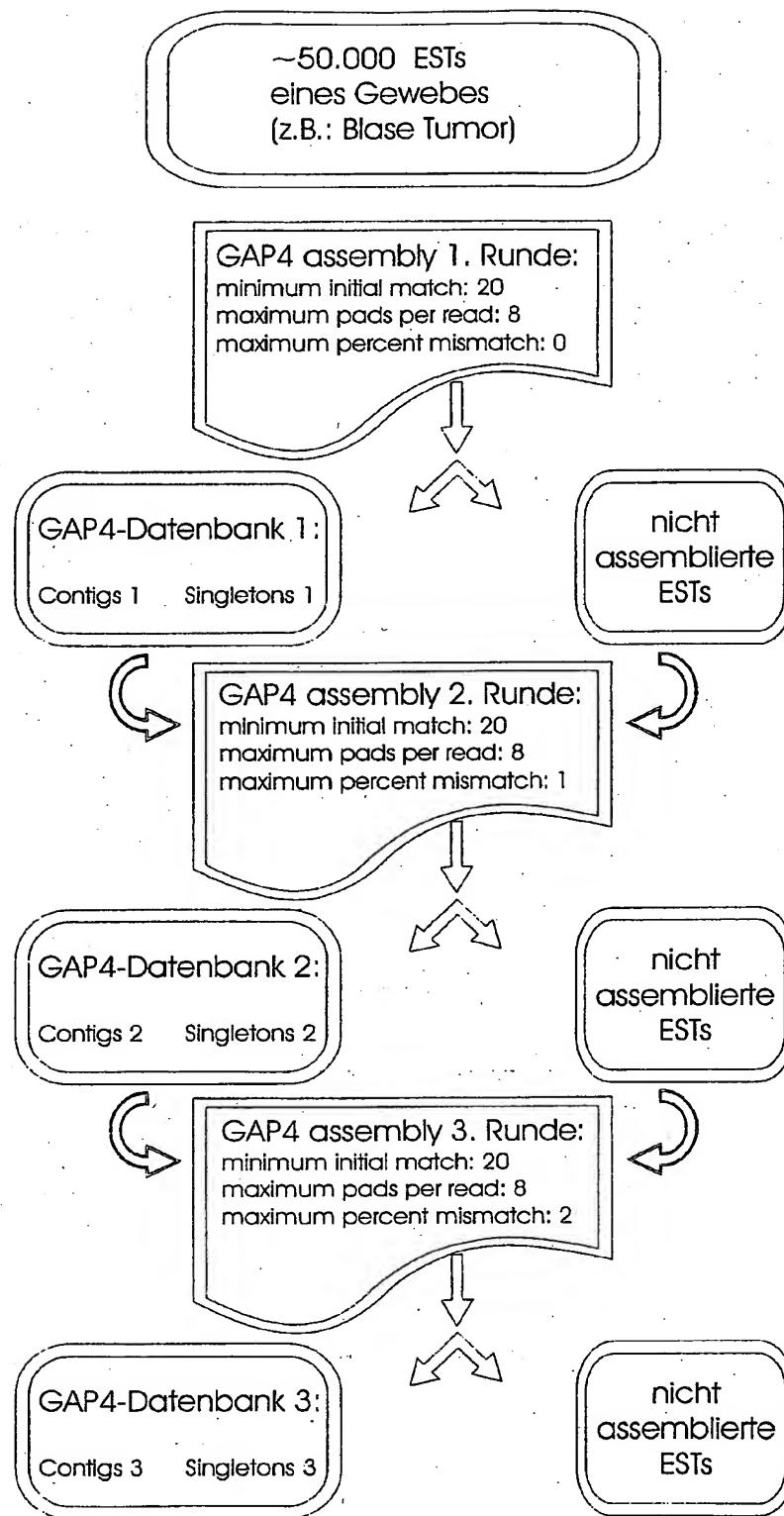


Fig. 2b1

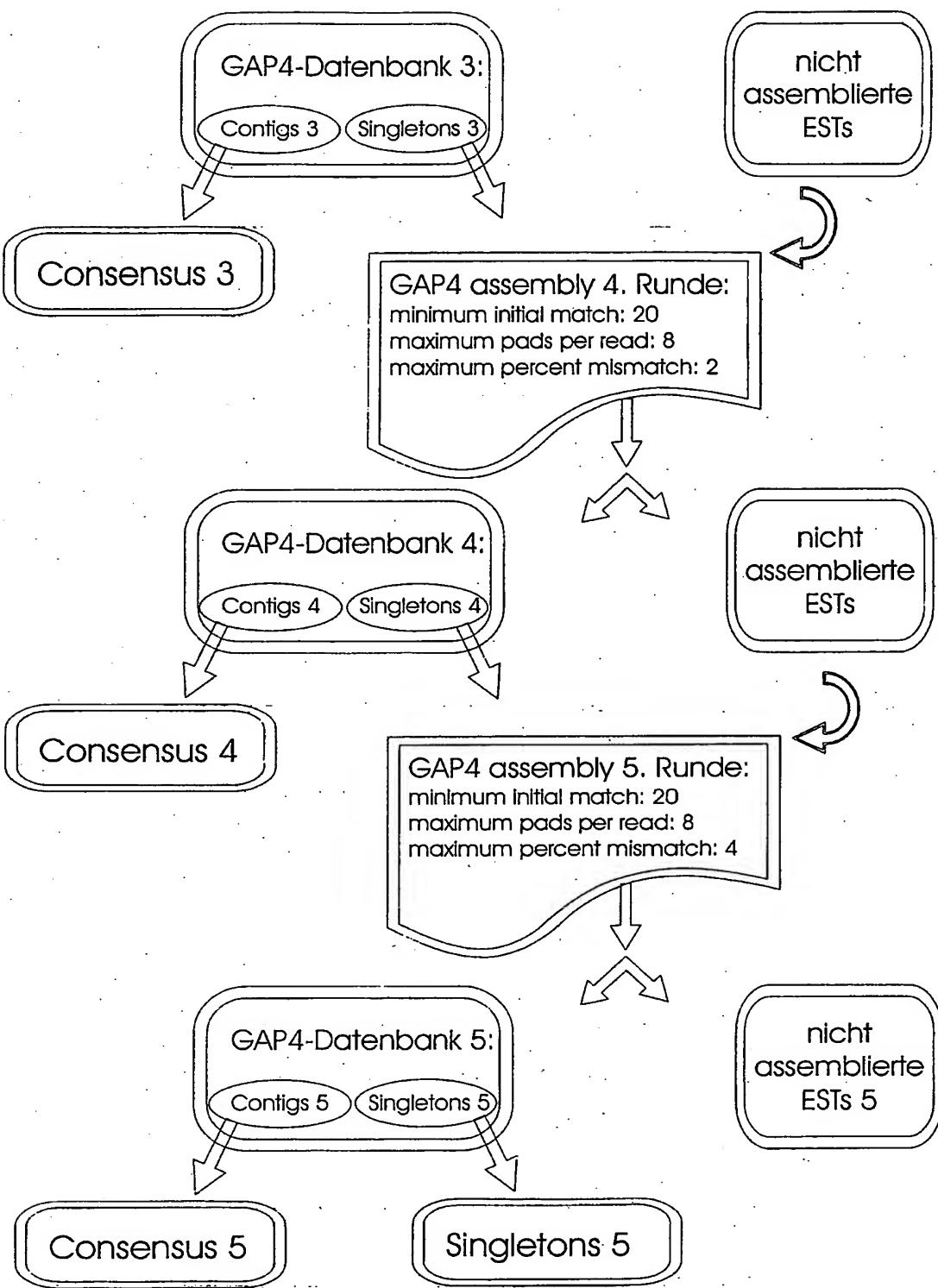


Fig. 2b2

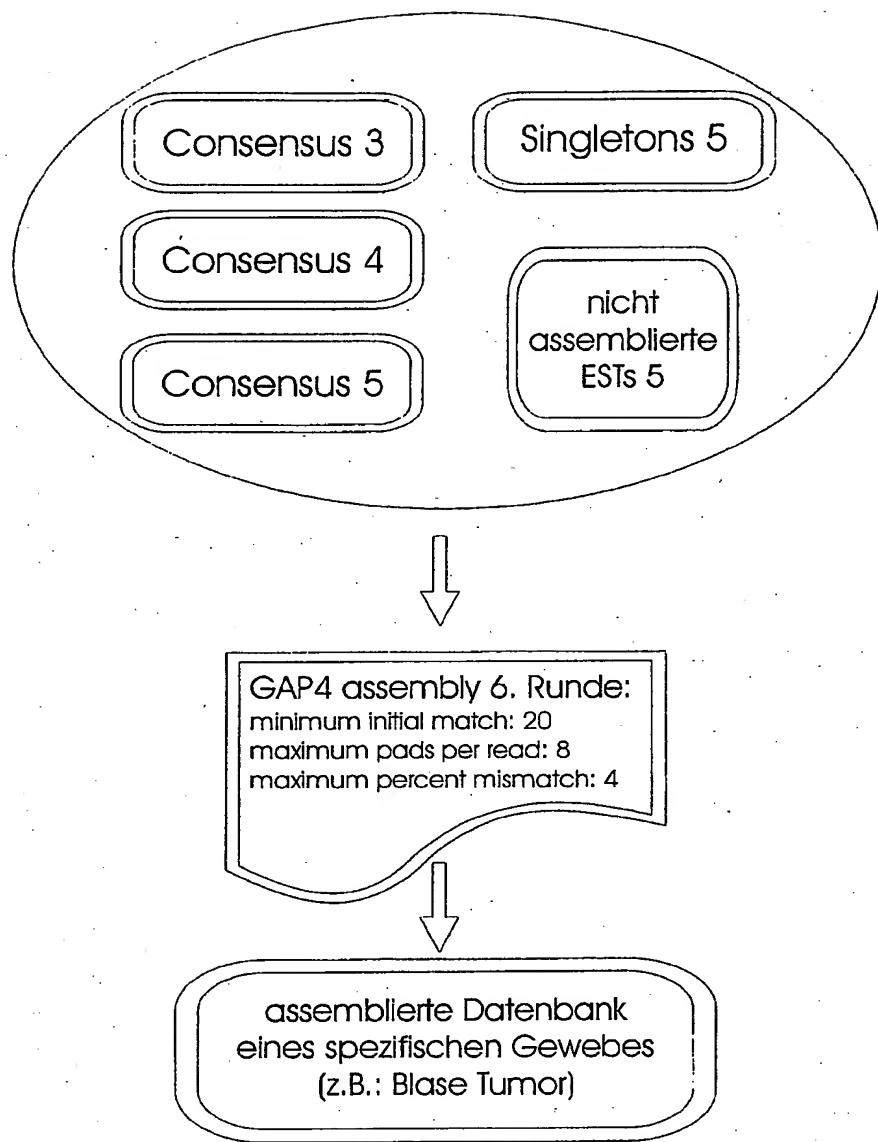


Fig. 2b3

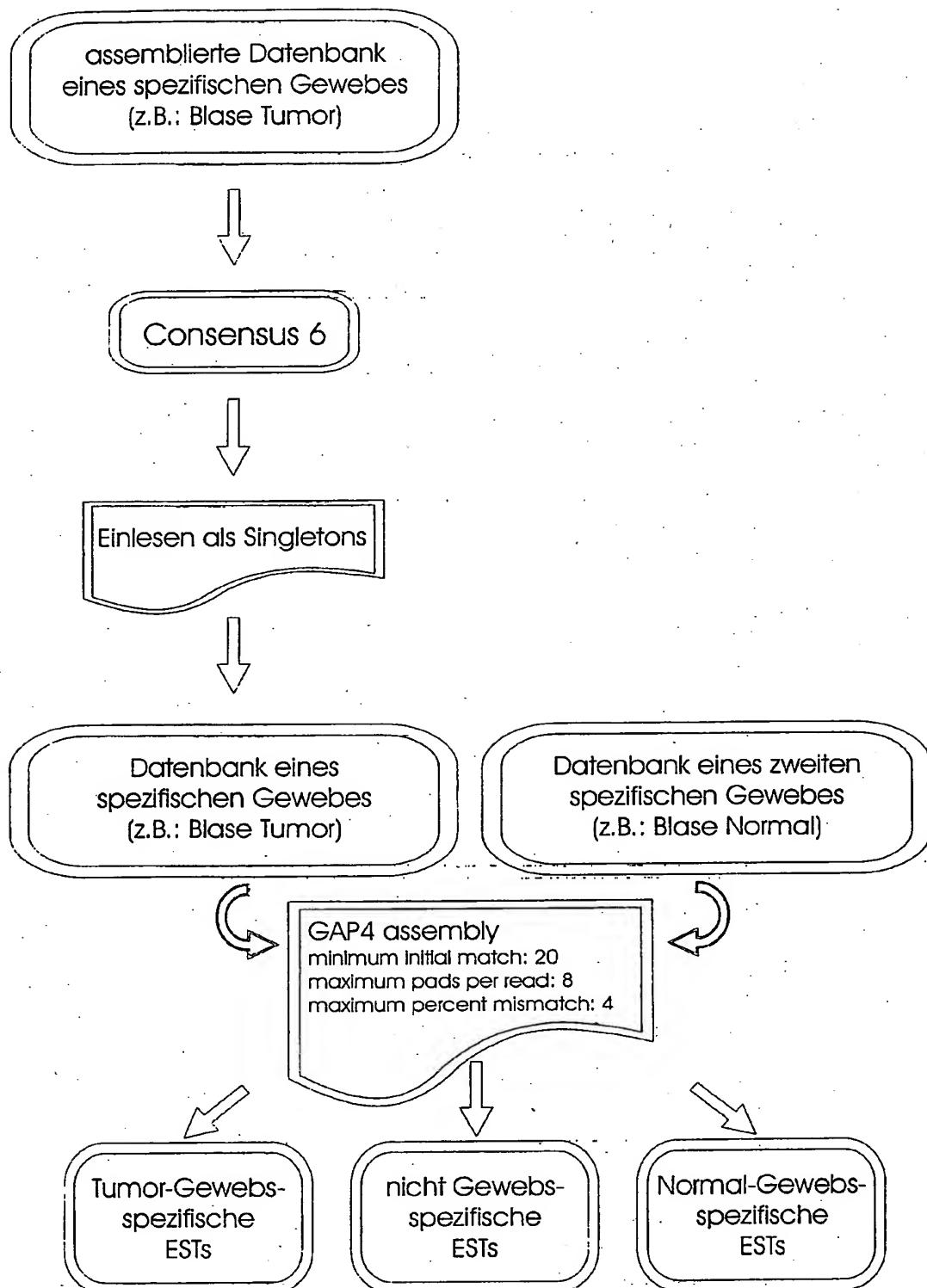
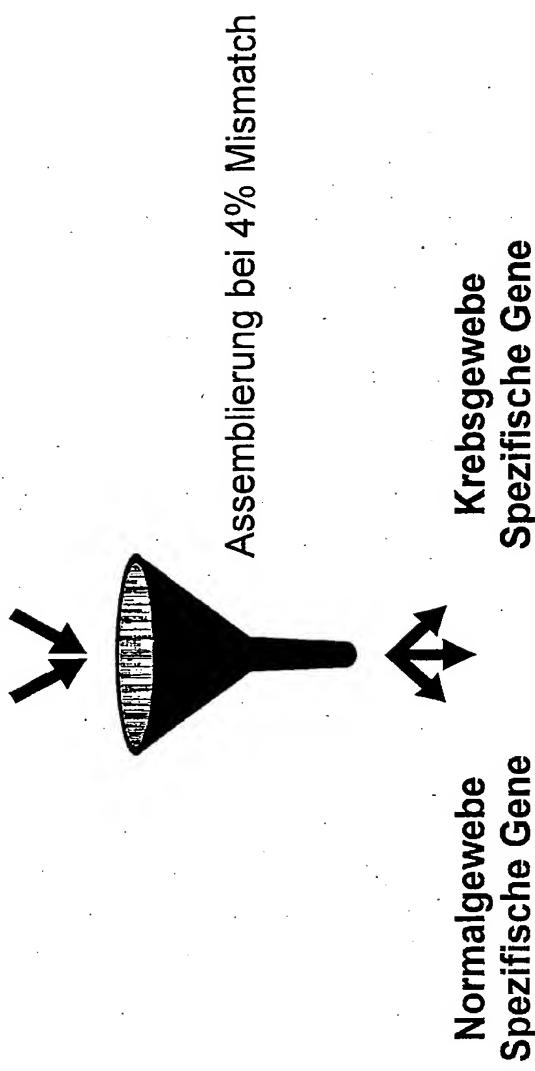


Fig. 2b4

## In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

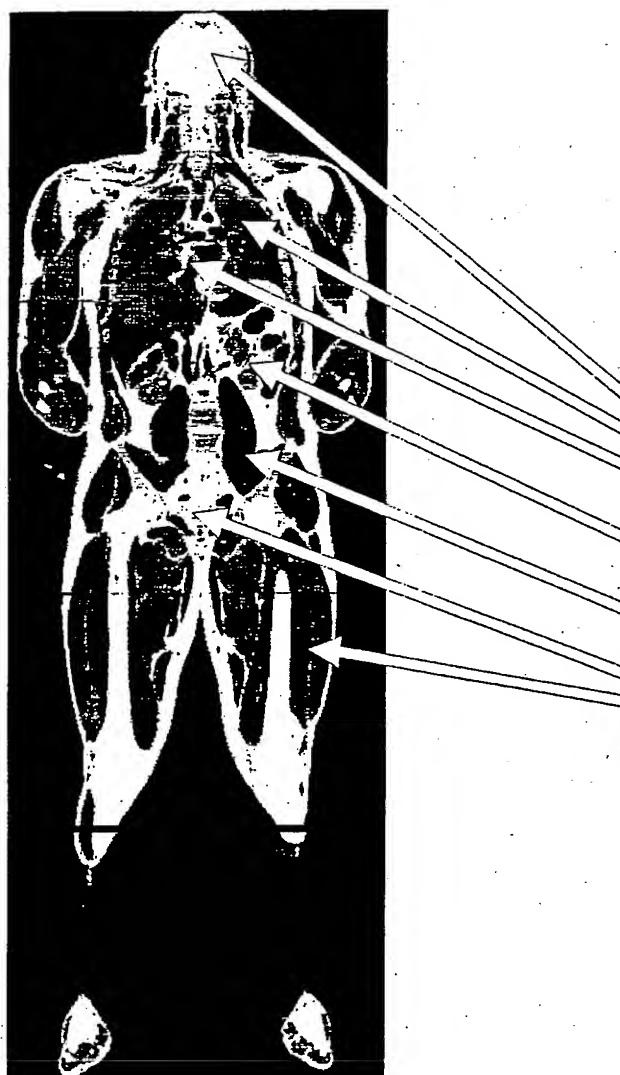
~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)

Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

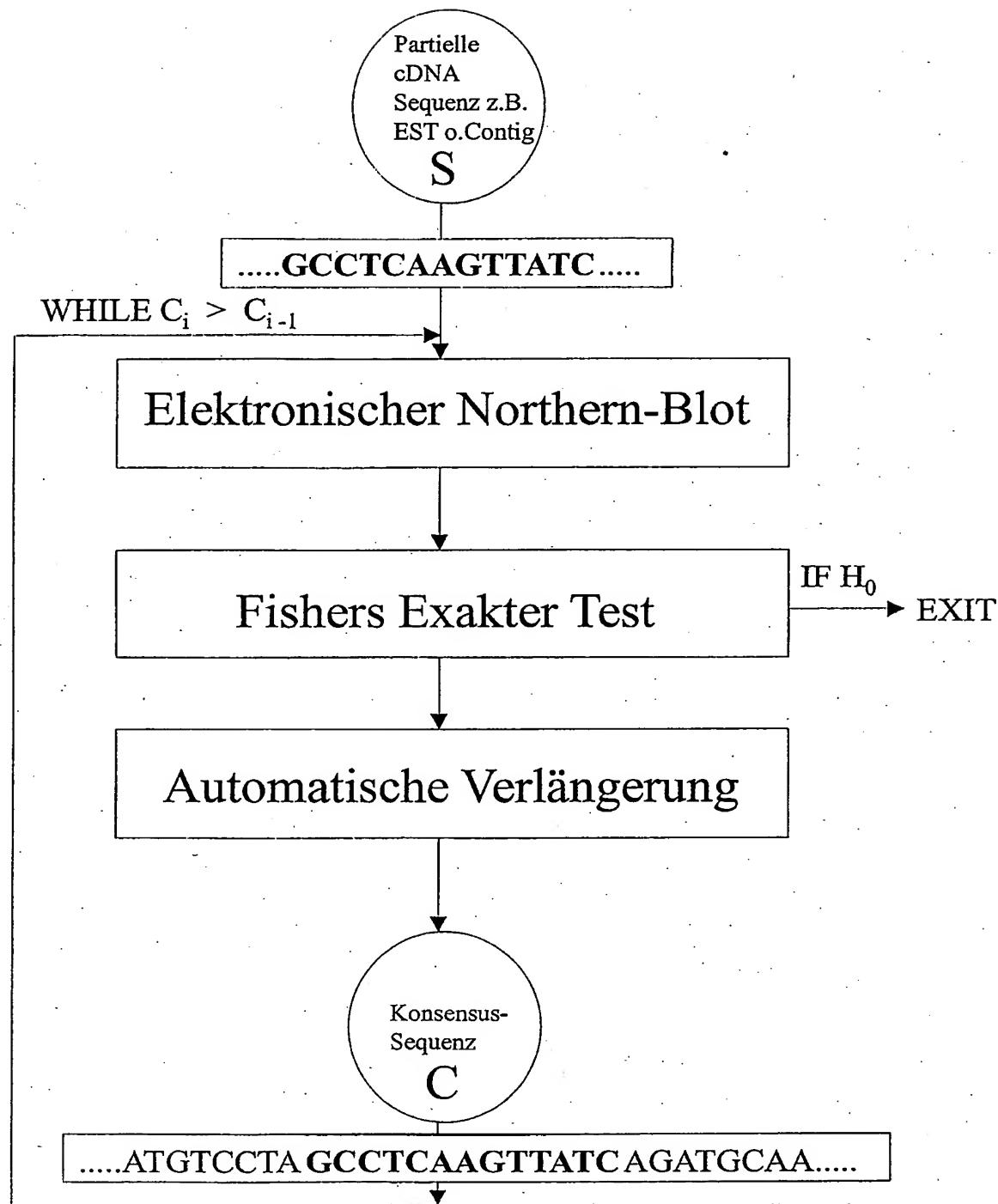
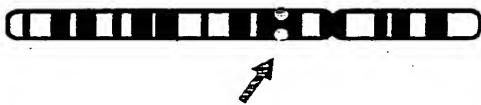


Fig. 4b

## Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

## Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5